

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47669
		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:	23. September 1999 (23.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00908		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99)		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(30) Prioritätsdaten: 198 13 839.3 20. März 1998 (20.03.98) DE			
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			

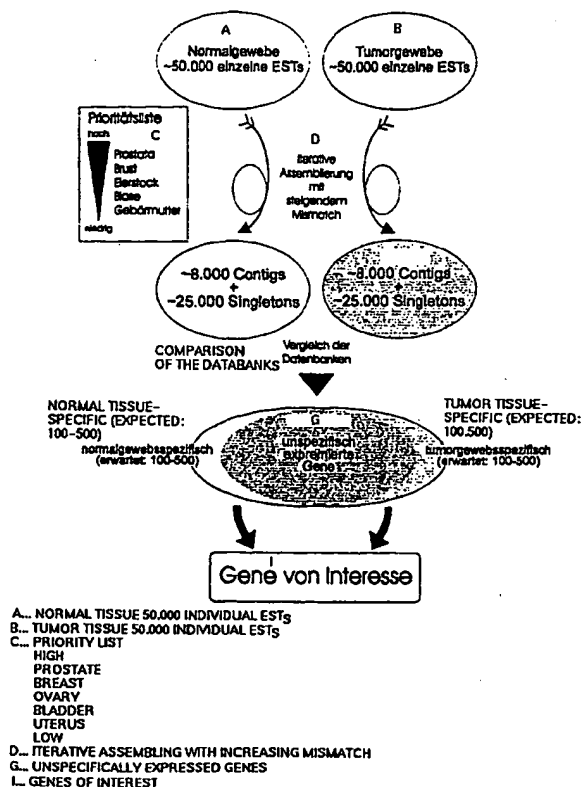
(54) Title: **HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS**(54) Bezeichnung: **MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGeweBE**

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CJ	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer
20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs
30 besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel
35 zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen
40 der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammeng faßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren
50 Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 10 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

20

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 35 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- 10 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- 15 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- 20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- 40 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.
- 50

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

10 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

15 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

20 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.

45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und
- 10 Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- 15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzung n

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, volllängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
20	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispi 12

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

30 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0458	0.1165 8.5843
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899 11.1243
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843
	Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601 1.1626
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855 3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6161
	Prostata	0.0048	0.0043	1.1186 0.8939
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duennndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefesaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0228		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0057		
55	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

2.1.2.

65 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

10		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
15	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
20	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
25	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			

40		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0449
65	Sinnesorgane	0.0000

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
20	Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
35	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
10	Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230
15	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010
	Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
40	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
60	Nerven	0.0291			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
10	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
25	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
15	Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651	1.3069
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
25	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0167	0.0128	1.3051	0.7662
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0051		3.6370	0.2750
	Brust	0.0147		0.0261		0.5606	1.7838
	Eierstock	0.0182		0.0234		0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0456		0.0245		1.8605	0.5375
	Gastrointestinal	0.0233		0.0190		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0314		0.0230		1.3639	0.7332
	Haematopoetisch	0.0196		0.0378		0.5175	1.9325
	Haut	0.0199		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050		0.0388		0.1275	7.8416
	Herz	0.0328		0.0275		1.1947	0.8371
	Hoden	0.0183		0.0351		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0149		0.0284		0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0460		0.4200	2.3811
20	Muskel-Skelett	0.0223		0.0480		0.4639	2.1554
	Niere	0.0208		0.0205		1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0246		0.0055		4.4569	0.2244
	Penis	0.0449		0.0267		1.6846	0.5936
	Prostata	0.0167		0.0383		0.4350	2.2987
25	Uterus	0.0231		0.0214		1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0357					
	Samenblase	0.0356					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165					
FOETUS							
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0307					
	Gastrointestinal	0.0247					
	Gehirn	0.0375					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0204					
40	Lunge	0.0296					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0279					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
45		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
50	Foetal	0.0093					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0078					
55	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0155					
60							

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0128		0.3637	2.7495
	Brust	0.0053		0.0218		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122		0.0026		4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0109		0.3349	2.9861
10	Gastrointestinal	0.0213		0.0048		4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0297		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0064		0.0137		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0324		0.0189		1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0357		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0208		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0214		0.0085		2.5169	0.3973
	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duennndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0148					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0256					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0656			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0387			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0026		3.6370	0.2750
	Brust	0.0160		0.0545		0.2936	3.4065
	Eierstock	0.0061		0.0078		0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0091		0.0082		1.1163	0.8958
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0149		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0275		0.0771	12.9744
	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0025		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0106		0.4475	2.2349
25	Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0218					
	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0031	
	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0039	
40	Herz-Blutgefasse	0.0000	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
50	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0041	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
55	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0070	
	Prostata	0.0128	
60	Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
25	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0307
	Gastrointestinal	0.0308
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0370
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0204
50	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0128
60	Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0261	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953	1.0047
	Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0165	0.7524	1.3290
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
25	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0524	0.0341	1.5381	0.6501
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
40					
45					
50					
55					
60					

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154
Gastrointestinal	0.0092
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0041
Lunge	0.0259
Niere	0.0247
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0183
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0181
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0285
Haut-Muskel	0.0324
Hoden	0.0078
Lunge	0.0246
Nerven	0.0020
Prostata	0.0705

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786
10	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0763	0.0763	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock	0.0608	0.0234	0.0234	0.0234	2.5969	0.3851
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.0245	0.0245	0.2977	3.3593
	Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.1000	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0149	0.0388	0.0388	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz	0.0011	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0355	0.0355	0.0355	0.1405	7.1196
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0230	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0166	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0958	0.0958	0.0958	0.1243	8.0455
25	Uterus	0.0017	0.0214	0.0214	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duendarm	0.0436					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0470					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0247					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefasse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0205					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0321					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
25	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0109		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0136		0.0048		2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0059		0.0099		0.6021	1.6609
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0597		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0064		0.0137		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000		0.0351		0.0000	undef
	Lunge	0.0012		0.0095		0.1317	7.5943
	Magen-Speiseroehre	0.0193		0.0230		0.8399	1.1905
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1420	0.8756
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0143		0.0213		0.6712	1.4899
25	Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duendarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0245					
	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0297					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0222					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0046	0.0102		0.4546	2.1996
		Brust	0.0027	0.0174		0.1529	6.5404
		Eierstock	0.0152	0.0234		0.6492	1.5403
10		Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0327		0.4465	2.2395
		Gastrointestinal	0.0291	0.0095		3.0535	0.3275
		Gehirn	0.0203	0.0252		0.8078	1.2380
		Haematopoetisch	0.0084	0.0000		undef	0.0000
		Haut	0.0149	0.0000		undef	0.0000
15		Lunge	0.0137	0.0118		1.1588	0.8630
		Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153		0.6300	1.5874
		Muskel-Skelett	0.0206	0.0060		3.4261	0.2919
		Niere	0.0327	0.0411		0.7960	1.2563
		Pankreas	0.0114	0.0221		0.5143	1.9446
20		Penis	0.0329	0.0000		undef	0.0000
		Prostata	0.0286	0.0234		1.2203	0.8195
		Uterus	0.0165	0.0071		2.3208	0.4309
		Brust-Hyperplasie	0.0145				
		Duenndarm	0.0187				
25		Prostata-Hyperplasie	0.0119				
		Samenblase	0.0178				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0122				
30		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0154				
35		Gehirn	0.0313				
		Haematopoetisch	0.0039				
		Herz-Blutgefuesse	0.0368				
		Lunge	0.0111				
		Niere	0.0124				
40		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust	0.0000				
		Eierstock-Uterus	0.0228				
		Endokrines_Gewebe	0.0245				
		Foetal	0.0035				
50		Gastrointestinal	0.0244				
		Haematopoetisch	0.0171				
		Haut-Muskel	0.0000				
		Hoden	0.0156				
		Lunge	0.0246				
55		Nerven	0.0090				
		Prostata	0.0192				
		Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0027		1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0102		0.0077		1.3270	0.7536
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0137		0.0000	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0240		0.1428	7.0051
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0267		0.1123	8.9040
	Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef
25	Uterus	0.0017		0.0071		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
FOETUS							
35	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
50	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419	4.1338
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0412	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
25	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0197			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0558			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
50	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
10	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829 12.0569
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000 undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779 0.5960
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenn darm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0197		
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0204		
50	Eierstock-Uterus	0.0023		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0128		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0153		1.2123	0.8249
	Brust	0.0133		0.0436		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0182		0.0130		1.4023	0.7131
10	Endokrines_Gewebe	0.0073		0.0191		0.3827	2.6128
	Gastrointestinal	0.0194		0.0095		2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0237		0.0449		0.5287	1.8916
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050		0.0065		0.7651	1.3069
	Herz	0.0254		0.0550		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0244		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0224		0.0165		1.3544	0.7383
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0307		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086		0.0180		0.4758	2.1015
	Niere	0.0208		0.0205		1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0114		0.0387		0.2939	3.4030
	Penis	0.0120		0.0267		0.4492	2.2260
	Prostata	0.0214		0.0128		1.6779	0.5960
25	Uterus	0.0066		0.0142		0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duennndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.1537	
	Gastrointestinal	0.0401	
	Gehirn	0.1126	
	Haematopoetisch	0.0472	
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164	
	Lunge	0.0481	
	Niere	0.0247	
	Prostata	0.0499	
	Sinnesorgane	0.1954	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0544	
50	Eierstock-Uterus	0.0320	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0636	
	Gastrointestinal	0.0610	
	Haematopoetisch	0.0057	
55	Haut-Muskel	0.1328	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0191	
	Prostata	0.0064	
60	Sinnesorgane	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0026		1.8185	0.5499
	Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0054		0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0263		0.0110		2.3997	0.4167
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0064		0.0275		0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0112		0.0047		2.3702	0.4219
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0064		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duennndarm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
50	Eierstock-Uterus	0.0091					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0231					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
55	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0091		0.0078		1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0128		0.0082		1.5628	0.6399
	Gastrointestinal	0.0097		0.0095		1.0178	0.9825
	Gehirn	0.0068		0.0066		1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0037		0.0095		0.3950	2.5314
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1420	0.8756
	Niere	0.0149		0.0068		2.1708	0.4607
	Pankreas	0.0057		0.0055		1.0285	0.9723
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0064		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0017		0.0071		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
		FOETUS					
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0074					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0091					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0111					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0057					
55	Haut-Muskel	0.0453					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0051		0.0011		4.6446	0.2153
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470
	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0062					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0114					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
55	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust 0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock 0.0122	0.0442	0.2750	3.6368
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0136	0.0190	0.7125	1.4035
	Gehirn 0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch 0.0322	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge 0.0535	0.0473	1.1324	0.8831
	Magen-Speiserohre 0.0676	0.0767	0.8819	1.1339
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0114	0.0055	2.0570	0.4861
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenn darm 0.0249			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.1140			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0154			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0041			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0067		0.0131		0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0119		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0024		0.0043		0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duennndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0490					
	Foetal	0.0029					
55	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
60	Nerven	0.0131					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
10	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
	Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0127	0.0137	0.9249	1.0812
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
25	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0542			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0082	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duennndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0117			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0128		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0218		0.1835	5.4504
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058		0.0095		0.6107	1.6375
10	Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
25	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
50	Haematopoetisch	0.0228					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
55	Prostata	0.0128					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0146
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0008		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0024		0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
35	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
45	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
55	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
60	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
65	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
70	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0064					
75	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0093	0.0196	0.4757	2.1023
	Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582	0.6418
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386	1.1924
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
15	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0133	0.0055	2.3999	0.4167
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0296			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
55	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747	5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0131		0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0055		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0068		0.0055		1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0047		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0089		0.0068		1.3025	0.7678
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0085		0.0000	undef
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenndarm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
35	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0031					
45	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
50	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0023					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
65	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0000					
70	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
40	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0187			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
55	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0153		0.2621	3.8153
	Eierstock	0.0091		0.0286		0.3187	3.1376
10	Endokrines_Gewebe	0.0182		0.0327		0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0155		0.0095		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0127		0.0099		1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0265		0.0275		0.9634	1.0380
	Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0149		0.0260		0.5746	1.7403
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0077		1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0103		0.0060		1.7130	0.5838
	Niere	0.0208		0.0342		0.6078	1.6452
	Pankreas	0.0019		0.0055		0.3428	2.9168
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0106		0.2237	4.4697
25	Uterus	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0236					
	Herz-Blutgefuesse	0.0286					
	Lunge	0.0074					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0279					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0114					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0210					
	Gastrointestinal	0.0244					
55	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0421					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0050					
60	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0155					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0232	0.0256		0.9092	1.0998
		Brust	0.0053	0.0131		0.4077	2.4527
		Eierstock	0.0061	0.0078		0.7791	1.2836
10		Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054		2.0093	0.4977
		Gastrointestinal	0.0097	0.0000		undef	0.0000
		Gehirn	0.0042	0.0131		0.3225	3.1004
		Haematopoetisch	0.0098	0.0000		undef	0.0000
		Haut	0.0249	0.0000		undef	0.0000
15		Hepatisch	0.0000	0.0000		undef	undef
		Herz	0.0201	0.0000		undef	0.0000
		Hoden	0.0000	0.0117		0.0000	undef
		Lunge	0.0125	0.0118		1.0534	0.9493
		Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153		2.5198	0.3968
20		Muskel-Skelett	0.0034	0.0060		0.5710	1.7513
		Niere	0.0119	0.0137		0.8683	1.1517
		Pankreas	0.0038	0.0110		0.3428	2.9168
		Penis	0.0090	0.0533		0.1685	5.9360
		Prostata	0.0119	0.0170		0.6991	1.4303
25		Uterus	0.0099	0.0142		0.6963	1.4363
		Brust-Hyperplasie	0.0073				
		Duennndarm	0.0125				
		Prostata-Hyperplasie	0.0119				
		Samenblase	0.0178				
30		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35		Entwicklung	0.0307				
		Gastrointestinal	0.0062				
		Gehirn	0.0063				
		Haematopoetisch	0.0236				
40		Herz-Blutgefuesse	0.0041				
		Lunge	0.0037				
		Niere	0.0000				
		Prostata	0.0748				
		Sinnesorgane	0.0000				
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50		Brust	0.0000				
		Eierstock-Uterus	0.0205				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0128				
		Gastrointestinal	0.0244				
		Haematopoetisch	0.0057				
55		Haut-Muskel	0.0130				
		Hoden	0.0078				
		Lunge	0.0000				
		Nerven	0.0030				
		Prostata	0.0128				
60		Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0228			
55	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0051		0.9092	1.0998
	Brust	0.0067		0.0153		0.4368	2.2892
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091		0.0136		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0136		0.0143		0.9500	1.0527
	Gehirn	0.0144		0.0088		1.6450	0.6079
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0095		0.6584	1.5189
20	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0997		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0180		0.0952	10.5076
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0095		0.0110		0.8571	1.1667
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0128		0.5593	1.7879
	Uterus	0.0099		0.0071		1.3925	0.7181
25	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duennndarm	0.0218					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070					
		FOETUS					
35		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0157					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
55	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0080					
60	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0320
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0367
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0173	0.0523	0.0523	0.0523	0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0026	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0285	0.0285	0.0285	0.2321	4.3088
30	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
35	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
55	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
60	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0128					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefasse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0160			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Herz-Blutgefaessee	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0665		0.0699	14.2976
	Brust	0.0080		0.0436		0.1835	5.4504
	Eierstock	0.0061		0.0234		0.2597	3.8507
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0213		0.0571		0.3732	2.6795
	Gehirn	0.0008		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0087		0.0142		0.6145	1.6273
	Magen-Speiseroehre	0.0290		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0119		0.0205		0.5789	1.7275
	Pankreas	0.0133		0.0276		0.4800	2.0835
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0119		0.0106		1.1186	0.8939
	Uterus	0.0033		0.0071		0.4642	2.1544
25	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenndarm	0.0343					
	Prostata-Hyperplasie	0.0208					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0353					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0476					
	Eierstock-Uterus	0.0274					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					

60

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0053		0.0174		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061		0.0026		2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073		0.0027		2.6791	0.3733
10	Gastrointestinal	0.0097		0.0048		2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059		0.0055		1.0837	0.9227
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0087		0.0071		1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0038		0.0055		0.6857	1.4584
	Penis	0.0120		0.0267		0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus	0.0099		0.0142		0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0154					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
50	Eierstock-Uterus	0.0046					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0082					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0156					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0449			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.1011			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050		0.0136		0.3679	2.7181
	Blase	0.0078		0.0258		0.3017	3.3143
	Brust	0.0114		0.0225		0.5088	1.9654
	Dickdarm	0.0115		0.0085		1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0192		0.0107		1.8036	0.5545
10	Eierstock	0.0089		0.0095		0.9333	1.0715
	Endokrines_Gewebe	0.0209		0.0337		0.6195	1.6143
	Gehirn	0.0203		0.0170		1.1947	0.8371
	Haut	0.0367		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0186		0.0254		0.7324	1.3653
15	Herz	0.0183		0.0137		1.3291	0.7524
	Hoden	0.0241		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0146		0.0166		0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0128		2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0074		0.9278	1.0778
20	Niere	0.0157		0.0048		3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050		0.0221		0.2244	4.4570
	Prostata	0.0217		0.0169		1.2801	0.7812
	T_Lymphom	0.0076		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus	0.0163		0.0230		0.7068	1.4148
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0267		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080					
	Penis	0.0161					
	Samenblase	0.0281					
30	Sinnesorgane	0.0118					
FOETUS							
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefasse	0.0107					
	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0303					
45	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0253					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0227					
60	Hoden_n	0.0042					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0090					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0203					
	Prostata_n	0.0121					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065		
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566		
	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351		
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009		
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181		
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347		
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef		
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
	Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000		
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686		
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haematopoetisch	0.0040					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0070					
30	Sinnesorgane	0.0000					
FOETUS							
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0145					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0293					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0020					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0068					
	Prostata_n	0.0243					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0055	0.1754	5.7011
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0148	0.5799	1.7246
	Niere	0.0112	0.0193	0.5803	1.7232
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
25	Uterus	0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395	0.5436
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
	Brust	0.0097	0.0211	0.4592	2.1776
	Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639	0.2973
	Duenn darm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716	3.6818
	Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092	1.4100
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
	Herz	0.0233	0.0275	0.8491	1.1777
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0129	1.2028	0.8314
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0192	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
	Niere	0.0090	0.0096	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6798
	Prostata	0.0057	0.0091	0.6202	1.6125
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1253			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0938			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.1255			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0816			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0741			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.1458			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0191			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0141	0.0141	0.0141	0.1879	5.3230
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0057	0.0057	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0048	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0010	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0063	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0018	0.0018	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.0013	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0015	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0054	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0036	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Brust_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Eierstock_t	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0257	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Nerven	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
10	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0097	0.0074	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0197	0.1789	5.5892
	Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213	0.8918
10	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467	1.5464
	Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026	0.1723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0201	0.0118	1.6964	0.5895
	Lunge	0.0010	0.0074	0.1316	7.6015
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958	1.4371
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0106	0.0141	0.7515	1.3308
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0215	0.9678	1.0333
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0408	0.4724	2.1170
	Gehirn	0.0087	0.0110	0.7913	1.2638
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0361	0.0118	3.0535	0.3275
	Lunge	0.0117	0.0185	0.6315	1.5836
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0369	0.0464	21.5570
	Niere	0.0201	0.0337	0.5969	1.6754
	Pankreas	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0132	0.0247	0.5331	1.8758
	T_Lymphom	0.0177	0.0299	0.5917	1.6900
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0353			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden_n	0.0251			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0450			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0070	2.2127	0.4519
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
10	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0209	0.1934	5.1701
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0146	0.0055	2.6311	0.3801
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0148	0.3479	2.8743
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0163	0.0276	0.5890	1.6977
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226	8.1542
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0098	0.9840	1.0162
	Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485	2.2295
	Duenn darm	0.0055	0.0107	0.5153	1.9406
10	Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382	1.1931
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0013	5.0646	0.1974
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0044	0.0230	0.1928	5.1876
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0774			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0186	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
25	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0848	0.0651	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
25	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0104			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0546			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 201

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0305	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0030	0.0833	0.0365	27.3828
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0576	0.0548	1.0528	0.9499
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.1693	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0446	0.1812	0.2459	4.0660
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0000	0.1052	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0851	0.1024	9.7640
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.2820	0.0972	10.2887
20	Niere	0.3448	0.4245	0.8123	1.2311
	Pankreas	0.1268	0.0387	3.2814	0.3047
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0427	0.0774	12.9263
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1958			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0922			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefäesse	0.0123			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1815			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0231			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0310			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden. Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der
5 vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

10 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die
15 Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses
20 Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

25 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei
30 eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

35

40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der
45 Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der
50 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

- verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

- Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.
- Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

Brust Tumor

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5
7	241/D/11				
9	<u>13/M/23</u>	<u>102/H/20</u>	<u>210/O/17</u>	<u>278/B/10</u>	<u>278/B/20</u>
10	319/P/11	492/J/15			
23	565/E/8				
25	<u>38/D/4</u>	<u>60/B/17</u>	<u>70/K/14</u>		
39	425/C/18				
42	221/L/9	407/M/9			
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20	
45	557/D/15				
58	222/C/8	431/O/16			

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	stSG29288 (D1S243- D1S468)
3	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC- 11892 (SHGC- 5919- D19S1071)
4	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.		1499	4p16.3	D4S412- D4S2925
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305- D1S635)
6	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886- D19S216

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	1p36.23-p36.31	D1S253-D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxioredoxin-Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289-D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenbau der Fibrinectin-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x "pkinase"	1780	11p15.3-15.5	D11S1318-D11S1338

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone" ; "Arch_histone"	892	6p21.2-p22.3	D6276- D6S439
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	992	14q22.3-q24.1	D14S63- D14S251 (SHGC- 33845- SHGC- 36869)
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert.		1196	10p15.1-q11.23	stSG1413 ;D10S604- D10S220
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca ²⁺ -bindendes Protein.	"S_100"	1105	unbekannt	unbekannt
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".		2006	7p12.1	D7S499- D7S2429
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	834	21q22.3	D21S1887 (D21S1259- D21S1260)
20	im Brusttumor überexprimiert	Der humane RNA polymerase II Transkriptionsfaktor.	"UBIQUITIN_2"	765	unbekannt	unbekannt
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		779	unbekannt	unbekannt
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	2327	1p31.1-p32.1	T29761 (D1S203- D1S2865)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
23	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		911	4p11	SHGC4-959 (D4S774-SHGC4-1002)
24	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		595	unbekannt	unbekannt
25	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		886	18q23	SHGC-30832 (SHGC-32075-SHGC-17251)
27	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1684	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260-D21S261)
29	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül.	"ribonuclease_T2"	1249	6q26-q27	D6S264-D6S1697
30	im Brusttumor überexprimiert	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS), ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.		3070	6q21	SHGC-13147 (SHGC-31123-AFM059xh8)
31	im Brusttumor überexprimiert	Das humane BCL-X, ein Apoptosis-Regulator.		2751	1p21.1	SHGC-32538; D1S2865-D1S418

Seq.- ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
33	im Brusttumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC- 7735- PH130)
35	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Ubiquitin Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628- D5S474)
36	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusttumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig- related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC- 33073 (SHGC- 35867- D12S1722)
38	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue putative Serin- /Threoninkinase.	"pkinase"; "pkinase_C"	2281	6q22.33	WI-13202
40	im Brusttumor überexprimiert	Das putatives Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	Xq22.2-q23	DXS1231- DXS1059
42	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		831	1q32.1-1q32.2	AFMa082wf 9 (SHGC- 12033- AFM224xc1)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NIB1385-SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFMb040xd1 (SHGC-11380-AFMa151xe9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32.1	sts-F17262 (D1S2622-D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer ATP-abhängigen RNA-Helicase.	"HELICASE"	2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFMb021zd1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	unbekannt	unbekannt

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	stSG8216 (pTEL- D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13- q13.33	D66904 (D19S425- D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	17q11.2-17q12	sts-F18808 (D17S933- D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446- D22S419 (SHGC- 2886- SHGC- 33862)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humanes GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xp22.33- xp22.32	SHGC-5419 alias DXYS153 (DYS290- DXYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08- SHGC- 31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal_L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "IMPDH"	1315	14q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC- 31972- AFM084ya1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC- 32788
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1q32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC- 37555

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein- Kinasen Inhibitor		687	1q21.2-q21.3	D1S305- D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412- D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	22q13.33	AFMb040xd 1(SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7)
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC- 32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	4q21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171- D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) ID. No	Seq.
3	71	
9	72 73 74 75	76
14	77	
16	78	
17	79	
18	81	
19	82	
20	83	
21	84 85 86 87	
23	88 89	
24	90	
25	91	
27	92 93	
29	94	
31	95 96 97 98	
33	99 100	
35	101	
36	102	
38	103	
39	104	
40	105	
41	106	
42	107	
43	108 109 110	
44	111 112 113	
46	114	
47	115 116	
48	117	
49	118 119	
50	120	
51	121	
52	123	
53	126	
54	128	
55	129 130 131 132	133
56	134 135	
57	136	
58	137	
59	138 139	
61	140	
62	141	
63	142 143 144	
64	145	
66	146	
67	147	
149	162 163 164	

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No
150	165 166 167
151	168
152	172
153	174
154	177 178 179
155	180
156	183 184 185
157	187
158	190
159	192 193 194
160	195 196 197
161	198

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Brusttumorgewebe

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcc 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtg 180
cagagctgaa ggcgagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acagggtccc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggctcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aaggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaaaaaaaaa
670

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

ggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
tggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgcccac 120
ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
gcagagtcac ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc taccagagg 420
ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctgcgaagg 480
aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660

```

```

ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
gacgccaag tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttcctgaagg tggacctcct 840
cctggctcatg ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
cctctccacc cctcgctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
ggggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggactttgac tccaagaagg cctacagga1020
cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccagg ctgcctggcc cttgctgagc tccttggatg1080
gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc ttccccaag aagtcctcgc cacctgcca1200
ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcac tcccaggcgg1260
gatgccgagc tctcagga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct cttaaccagc1320
agtcttctgc tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct cccaaaact1380
ggggtcccag caacctggc cccaacccc agcaaattct taacacctcc tagaggcca1440
ggcttaaaca ggcattctta ccagcccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta cccagaact ttttaactctt1560
ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctcctgcc cccgggggcc tgtggctaag1620
taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacaccag1680
cgtaggggga gtctgagccg ggagggtcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg1740
tggtggggcc cttcacgtg ggaccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa 1845

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cggctcgagg gcgcgcggga gggtcaggtc gtttctgcgc gggctcccg cgctgctact 60
gctgctgctc ttctcgggc cctggccgc tgcagccac ggcggaagt actcgcgga 120
gaagaaccag cccaagccgt cccgaaacg cgagtccgga gaggagtcc gcattggaga 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggccagcg actgcatctt cctcccgta ggctggccga 240
gtccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgaacc tcaatgtcat 360
cttggccaag tatggtctgg acggaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420

```

```

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga ccccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgac atcaagggca gcgtcctgca 660
cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccagggcc tggaccgcct 720
gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
tgacctgtgg gacctggcgc agtccgccaa cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840
ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
ggagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960
ccgcagccgc gagaagcacg ccctgctgga ggggcggacc aaggagctgg gctacacggt1020
gaagaagcat ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg1080
aaggcattgg ggagcccagc ccggcagggg agaggccagc gtgaaggacc tgggctcttg1140
gccgtggcat ttccgtggac agcccgccgt cagggctggct ggggctggca cgggtgtcga1200
ggcaggaagg attgtttctg gtgactgcag ccgctgccgt cgcgacacag ggcttggtgg1260
tggtagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggcttgg cttccactca1320
gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcaggtct1380
gatagtcctc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgga1440
aataccatgc acagagtcct taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaaa 1499

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

gggccaagtg ccccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccacatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcaccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccacctgccc 540

```

```

tctacccaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgttc ttccagctcc 660
tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg                                     688

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

```

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccgggtga ctttgccggac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gtccataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacgc ccattgtgat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaa cgtgctttga gaggcggggt ccgcatgtac 420
gtactgcctg ccgggggctt aggagggtgg caccggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc ccgcccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
gccctgtgcc ttctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttcccctagt gtgcccagt cagcctcata ttctgggagg acagcttgct tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggctctcagc ctcccctggg ttgggagaag 840
tccatctttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
accctgcc                                     909

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 930 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

tgaggccaag	gcggcgtgag	tctgcgcagt	gtggggctga	gggaggccgg	acggcgcgcg	60
tgcgtgctgg	cgtgcgttca	ctttcagcct	ggtgtggggc	ttgtaaacat	ataacataaa	120
aatggcttcc	aaaagagctc	tggtcatcct	ggctaaagga	gcagaggaaa	tgagacggt	180
catccctgta	gatgtcatga	ggcgagctgg	gattaaggtc	accgttgag	gcctggctgg	240
aaaagaccca	gtacagtgtg	gccgtgatgt	ggtcatttgt	cctgatgcca	gccttgaaga	300
tgcaaaaaaa	gagggaccat	atgatgtggt	ggttctacca	ggaggtaatc	tgggcgca	360
gaatttatct	gagtctgctg	ctgtgaagga	gatactgaag	gagcaggaaa	accggaagg	420
cctgatagcc	gccatctgtg	caggtcctac	tgctctgttg	gctcatgaaa	taggttttgg	480
aagtaaaagt	acaacacacc	ctcttgctaa	agacaaaatg	atgaatggag	gtcattacac	540
ctactctgag	aatcgtgtgg	aaaaagacgg	cctgattcct	acaagccggg	ggcctgggac	600
cagcttcgag	tttgcgcttg	caattgttga	agccctgaat	ggcaaggagg	tgcggtctca	660
agtgaaggct	ccacttggtc	ttaaagacta	gagcagcgaa	ctgcgacgat	cacttagaga	720
aacaggccgt	taggaatcca	ttctcactgt	gttcgctcta	aacaaaacag	tggtagggtta	780
atgtgttcag	aagtcgctgt	ccttactact	tttgcggaag	tatggaagtc	acaactacac	840
agagatttct	cagcctacaa	attgtgtcta	tacatttcta	agccttggtt	gcagaataaa	900
cagggcattt	agcaaaactaa	aaaaaaaaaa				930

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 989 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

cgcgcgggcg tcgtgcacgc ggttgtagct gcccgggcggc ggcagaagcg gcgctcgcgc 60
caagggacgt gtttctgcgc tcgcgtggtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gttcctgctg 180
ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccggtt atcggtcgcc 300
gaccactccc tgcacctaa gcaaagcgaag attccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttggtg gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggcttggtt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat ccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattaccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcca cataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgccta at cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt ctctcttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgctcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgttaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcgga aa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgaatt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggta caaagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960
gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta 1020
tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt 1080
aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gagggaggac agggagagaa aataccatgc 1140
ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt 1200
gtctattggt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat 1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca 1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaal 1380
acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac 1440
attttacata ttttttaaat ctcttgacta atgctaaaac gtaatcta taaatttcat 1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact 1560
ctatagtttc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta 1620
aactttgtgg cttttggtct gtgatgcttg gtctcaaagg aaaaaataag atggtaaagt 1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaaca taaaagttaa ttttagagta 1740
gttttatatt aattaccaaa ctttttcaaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt 1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt 1860
ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaaa aggctttctc ttcatacttt 1920
tgaaaaatct cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttccaag 1980
caatatgttt tgggtttaga gtctgagtga tgaccaa

```

2017

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccggtgcct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tctgcacctg tggataggcc agcagtcata ccgggatgag cagggggcct gtgccgtgct 300
ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
atccaggctc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
gctgacaagg caaatgcccc ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatatctgat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctccccctgc1140
ccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctgggtc agtgcagagg tgccccctgc1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgccttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg1260
gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatgggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtgggtttaa gtacttctgt tgctgtgttc tgcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tgggaatggca acaggaattt tcattgggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctgggt gatatgggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt ggggttttgat atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtacgt tttaatattt aagttattct atcttgaga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccgggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttta tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctgggtgtta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaactctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaa caaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttccgtaa aaacgtagtg aggcactttt1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatattta1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctgggta cctgggtttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc tatcattgtg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaaa

```

1597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccgaggata 60
aagcttgggg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtcct gtcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgcggga cgctgctatg gacgacattt tctctcagtg ccgggagggc 180
aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcactgggccc tgccgagagg gccgctctgc tgtggttgag 300
atgttgatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga cccccctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgccccctg actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgccctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
accaccgcga ctgcggcccc aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaagggt ctgaaggttc gagactggag tacaagggaag 840
agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggattt tctcgcaccc aaatgtgctc 900
ccagtgcctg gtgcctgcca gtctccacct gctctctcat ctactctcat cacacactgg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttcct acacacacta1080
gagccccctc tcccacgaca tgcactcaat agccgtagtg taatgattga tgaggacatg1140
actgcccga ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat1200
gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgcct ctgtgggaac tgggtgacacg ggaggtaccc1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaagggtg cattggaagg ccttgggcta1380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag1440
accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg1560
cacctcccca aagcagcagg cctctggttg cctccccgc ctccagtcag ggtactaccc1620
cagccatggg gtccatcccc ttcccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc1680
tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tccaacatg ggagggatca gccccgcctg1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgga ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg 240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca 300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcat acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg 360
agatccagac ggccgtgccc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctgatggac 600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaattgtc tacattacc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaaccact ggggggttg ggtaatatc tgtggctctc agccctgtac ctttaataaat 840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa gaggaagaa ggaagaggat gc 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctgggtacag 120

```

```

cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg 180
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctt 240
atcacatatg acatcagtca gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc 300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag 420
cactgggggg gttgggggtg gcttggaaca cagggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt 480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta 540
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggg aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
ttcccacatc tatcagtggg gataatgcct ag
992

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgcccgg aaggtcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcgggggta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcgagg accactcggg 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggctttttc ggagccggcg gagcagggtta ctgcacgcg gatttggtcg gcgtcccgtc 240
aactgggtatg aaccctctgt ctctttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttcttttac attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtct 420
tcggctagga ttgaaggaaa ccagaacat ggcctggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaata actctaggtt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggtg gtcttcgagg 660

```

```

gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctggggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcactctaga tcctttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
ctttggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg1020
ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggtcg tgcttgtttag1080
tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

ggcttaggcc cagccccctg cctccccctc cttccccccag gtataagagc tgagctcagg 60
tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagacca 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggaggggtggg aaggagacgc 300
tgaccccttc tgagctacgg gacctgggtca cccagcagct gccccatctc atgccgagca 360
actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
tccgggggca ctgagaactc cctctggaat tcttgggggg tggtggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcctc 600
atctctgcaa agttcagctt ccttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
gggagctcat ggggtggagga gtctccacca gagggaggct caggggactg gttggggccag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840
tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttcc aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttcc gcctccagct ctgcccagg ctccctcctag 960
actctgtccc tgggctaggg caggggagga gggagagcag gggtggggga gaggctgaggi1020

```

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct ggggtgcttg gcattgacag aatgatgggtt1080
gttttgtatc atttgattaa taaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

tgcgagccga ggcgcgcgagc aagatggcgg cgcgagtgtc gcgcgcccgc ggaggcgctg 60
ggcggcgggc ctctgcagc gggcgggccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tgggtggggac 360
ttggaacacg tggatatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctacagaag tcatgaataa actcagagaa aataagggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccaggga gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgtgaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttcl1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtgl1080
ccttgctgctc ctctttgaaa caccctgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac1140
ttctccccac cctccagaag ggggtccagt tgaattctga atcatcttga aaataagatt1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaal1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcat tgaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440

```



```

tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatacagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagagggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaataatatt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaagt1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac
2006

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggaggagag ccttcccca gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaacaa cgggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgctg 240
cccggagccc acggtggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggctcctggc 300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
gccagccaag gacaggggtg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgttca agcccctgca 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cgccggggg atgcgaggct 540
cggagcagcc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcattctcag cttttctgtc 600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgttgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaaggct ccattgtcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgagggtg 720
tgctttattt ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgccagggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtga tgcaaggata tttt 834

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```

cgggaacggg gcggacgcgg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacggtgt tcgaactgaa gcgcatcgtc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcatcgag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
caagaggccc atttccccc ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tcctgggat gggtccact cctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgtgttcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggtcca 600
gcctgtgtgt taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagacccaag ccattgttag 660
cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggccct 765

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```

gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttctctct ggtcggcggc tgcagcgggg 60
tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcac cgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggtc ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggc cacaacggtt 480
gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggcccagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gctcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggtctcttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
cccacaaat catcctgaat ctgatctttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

ccccgcgctc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttgagg gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaagggac 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatac tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggaaatttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttggtt ctcggcaata 480
cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttggtgag agtgaacacc aagtgaatat 540
tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggag agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttctt gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgta atacttataa agaaggaaaa cgctgcccgt gccaccta 840
ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt ttaaaataag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaagtc tctctctgca acaaatgccc aagtcatttt 1020
ttaaaaaatt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcatactt 1080
cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttctctt 1140
taaatttggt accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt 1200
aagcactcct ccttggtgga agaataatcc accatttcat ctggctagtt caccatcacal 1260
actgcattac caaaagggga tttttgaaa cgaggagtgt accaaaataa tatctgaaga 1320
tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga 1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg 1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat 1500
tctctacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg 1560
tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaata 1620
gataatttgc tgcattgtaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttccta 1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccattt ggggcaagct attccagcac 1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttaga 1860
ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca 1920
ccctgtggtg caacacttga aagaccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta 1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgttttagt cattgattca 2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta 2100
gtattcggtt gatattgta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagt 2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc 2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta taaaaataa tatactaaag 2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag 2327

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttccct ccccgccccg cgccgcctct 60
ctggtttgtg cgcccgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgtagcggg ttccgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtattttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgc aatgctggtg gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcattg ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgtaggggac aggctgcccc 540
aggaccactc cgcccccgct aactcaatgc agctgaccct taccctgaat actctgcagc 600
tgcatctctg aaccgttatc taggcgctat agcaaggcca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggacacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccccct tgtaaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcattgagat tataatgtgg aaagttaatt 780
gactaacaac ccaggggtct ctctcccccataataacccc tcattttgta agctcagggc 840
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

ccccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggcgtc aaaggtgaag caggacatgc 60
ctccgccggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa ctgcccgcgt cgaggactgt 120
cgggctacag catgctggcc atagggattg gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcacgcgc 240
tggtgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgcccactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420
aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtgttacac gtaggccctg tgccctccgg 480
ccacctggat ccctgcccct cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtgggccc ccgta 595

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 886 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagacct gtagtcacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gcccgaatga gttcaagggt 240
tacatgggcc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
gtggggctcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaaatcc tgccctcacc tcaccctttt 600
ccaacttgcc caggaagtg gaggttcctt ctttcctttc cctcttgta ggtcatccat 660
gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagtctctg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaaaa aaccgcctgg tcttgggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gtagccgctc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
ggttcaggcc ctttaataaag tgtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gaccttttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cactactaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atttgttgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggcttta ggtaattttt 660
taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt gggtcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tattttttatt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
ggtccagaaa caaattttta actgagtgtg agtctataga atccatactg cagatgggtc1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcta ttgtaattgcl080
ttagtgcttg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacaggtt1140
tatgtaacaa agtaatgggt ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt1200
ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttggt actcaaaggal260
taagacagac aataataact cactgaatat taataatctt tactagttta cctcctctgcl320
tctttgccac ccgataactg gatattcttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt1380
taagatcagt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagcl440
agtgtgcagt ttagggttca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgccal500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cacgcattct taattggaatl560
aatggatcaa aaatagtggg tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatcaal620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt taggggtttct tgatcttggga ggatgtttgal680

```

```

aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaaagg actgatttat gggctcttcc tatcttaacc1740
aacgttttct tagttacctg gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggatttga tggagttggg ggattttcct1980
ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgcgtgt ggtcgcgaac 120
agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcgggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccgat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgccggcc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960

```



```

gccttccacc aagccaggat gaggaagtag agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggccgccc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gccagtcctt ctatccccc cctaaaaaga ccaagcattg atgcccaggt tttggaaata1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttcccct ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtccccg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacaggtggc accggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttccccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc

```

1574

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg ttaaatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60
ggtgtgtgtg ccgtgccgc gcgaccgccc agcctcgtca gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggcccagc ccgagtgcag tccagaagcc cccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtgggtgcca 240
ggtactgggt ttggagaact tgtctacaac cagggtattga ttttaaagat gtcttttttt 300
attttacttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaaccac 420
cttcttctc tgccttggtt ctcttttatt ttttattttt tgcgcatcagt attaatgttt 480
ttgcatactt tgcactttta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatgggtg 660
aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcagg 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgattaa gtagaactac aagttgtata 900

```

```

ggctttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaaagt gtaattatgt attaccagca 960
gggtgttttt aactgtgact attgtataaaa aacaaatcctt gatatccaga agcacatgaal020
gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcactcttg accttttaaal080
acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtgggaat ggttactgtt tatactgtgg1140
tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaal200
aaaaaatcct cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatac1260
tgagagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta acttttgctta caaaaattgc1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataal380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttattgtg1500
gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttcal1620
tttaagaatt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatacatt1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaal1740
gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaattttaaa ctgagtgaaga gtctatagaal1800
tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaattgtt ttcaaaaatt gatgggtgat1860
tacctgctat tgtaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc1980
atgggccttt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
tcttggtact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100
tagtttacct cctctgctct ttgccaccg ataactggat atcttttctt tcaaaggacc2160
ctaaactgat tgaaatttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220
ttttgctgtt tttgagcagt gtgcagttta ggggtcatga taaatcattg aaccacatgt2280
gtaacaactg aatgccaaat cttaaactca ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt2400
gctactaata aaatcaaata acacttagaa ggggtatgat ttttagttag ggtttcttga2460
tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg2520
tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgcctgg2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
aaaatcctgt tagcaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
agttgggtga ttttcttcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
tttgtagatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actctgttac agttcagtat tgtctattaa2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtgggt acaaaatact tcctctgggt3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaaa aaagttttac cagttgatat3060
aaaaaaaaa

```

3070

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```

tggggctgga gtgcactagt ctttttgctt ggtagttttg catggtttag ggtaaaaaat 60
aattccgaag atacaccagc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcgcca ccctccctcc 120
tgcccaaagt gaatttggtg ctcagaaaag aactgtttat accactcacc tttctcccag 180
catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240
gtaggaaact caatattctt ctctaaccat atacgatagg gctcttcgct tttaatgata 300
tctgggattt ctgtggaact tggcaaattt tcagagcacc ttcactcaca taatgtcatt 360
tgaacctcac aatgttcttg ggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420
gcagtgtctg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480
actttgagca aggtgcctt cttgtagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagtg 540
gcatttggtt cctagcagta tttagcacct ttttgccacc ttggtgaaca gaaaattgta 600
tttctctgtc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatgggaa ttttaaatac gtttgcagaa 660
actgcccctc cctcattga gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720
tgggtctccc tccccatcct ggtttccacc ccgggctggc tagctctgtt ggtttgaaga 780
ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggctagtta gctttcttta tcaacctgct 840
cactcacaaa tgtgtgccct cagccagaga gtaagaaagc ccaaactctgt tacagcttct 900
aaaaaaatag atttctaatt tgtcctactc atgttaggag cattatcttt gaaggtaaaa 960
catagtgtat catttgttaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag 1020
gcttcagcaa tggaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtcc aaagtggctc 1080
gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggacct aattgggcat 1140
tgggcttttg tgagaccaca gaccaggccc gtctctcctg taggctttta attcaatggc 1200
aactctattt caaagaataa aagccttttg agagtgcgg cagttctggg ggcggtctca 1260
ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac 1320
ttcccacctc ctctctcttg ctctgatgct tgccctctgg cctctccatg cccaagggtg 1380
tctttcatcc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcgagtctg 1440
taaaccagag ctggtttctc tggccttcgt cacgatacca ggatacggag gggagcccag 1500
ggccatccat acccacccca gggtaacggg gctggcctgg cattagtcat tatttagttt 1560
ccaggccaac catccagata gagattccct ctttcccttg agcagtgtc tcaagagctc 1620
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcac cctgtctcatt gtcagtgtag cccctcgccc 1680
ctatatctat ccaggatact tggaagtgtc aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt 1740
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aaatgttctt tgaaaaaacc 1800
aaagttttaa gatttgctgt gtgatgaagt gacagggagg gccggagtca gcaggtgcc 1860
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc 1920
tgccctagca gagcccaggc cttgccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt 1980
tgatttcttg gttaggttgc attataataa caagagtcag aacattaatt cgaaacaact 2040
tgcagtatgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgtttat aaggaataac 2100
ataaactaat ctgtaccttt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgta 2160
tagtgtacat ggtaatgatt tattgctatg cccagatccc ttaatgtagt tctcatcctc 2220
cgcattgcct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacctcct 2280
gtgtttggac ctctaggagg gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa 2340
atgtctcagg tccccatgtg cctgtttgtt agccctctct cttgttccct ttctgagcat 2400
gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg ccttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa 2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaacca agttttctat tcccttagga cagaaaattg 2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagt acccacgtca gttacacatt aaagccagac 2580
cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagc ttgtgtaaat 2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggg aattttctgt atatttggaa tatttgggtt 2700
aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcggcgggg aggggggggg cgcatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctcgccgct gagctcccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttcacgctgg cgcccagcct ggggtgcttc 180
gtgggtctcc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggg acgcccggct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctcagccatg 300
gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtgggt 360
ccccgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggcccc catcttcttt 420
ggtgcccgc aaatgggctg ggccttggtg gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcggca 480
gcactaccgt ggcctggtac caggtgagcc cgtggccgc ccgcctgctc taccctacc 540
tggcctggct ggccttcgcg accacactca actactgct atggcgggac aacctggct 600
ggcgtggggg acggcggtg ccagagttag tggccggccc accagggaact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gccagggtg cagcagagct tcagagggtg cccacactga 780
gccccaccc gggagcagtg tcctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttggaaaca 840
tggaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa 890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgctcctttca tccgggcggt tgccctgcagc aagatggcgg cggtctcaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaaggga gtaggctgtag ctgcccttc cgtttccagg 120
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatataccta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcttg ctgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccagggagcg atgggaaaat 360
cctttgatgg gttgggcatc aacggctgat cccttatcca acatggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggtc caaaacccaa gtccaagtct tatgggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaataca tctcttaatc tcctaataaa 660
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaaa aaa 693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggcccg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc aggggtccgc gctcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gctcacggg acccctgca cccctacgcc 240
gtcccttggc agtccctccat gcccagtc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcgccctg cccatggggg ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gaccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgtgcct gctgaagtga tcaccccccg ccccagccc tgcacaggc 540
cacaggctct ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaat 600
cccaggcccc ccgcgcaagt ggttaccxaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaa cggtgcaaat tcctttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggt ctacctcctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgttagg 960
aaaacaggca tgacagacca gggtaggggt tgtgccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa

```

1054

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

aaaaatattt gctggaaagg acggtgggag gattacaggc gtgagccact gcgcccggcc 60
acattcagtt cttatcaaag aaataaccca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaagggt atcttaaata gatcttaggc aaaataccag 180
ctgatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcatct ccaaaaacag taaaaataac 240
cactttttgt tgggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgatttttta aagtgtgttt ctttctaaat tgctgttctt 360

```

```

taatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420
attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttatg catgatgtaa aaaatacaaa 480
cattctaatt aaaggctttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aagggaagg 540
g
541

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cggtctgagg ccattcacca acccggcccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60
acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180
agaaactgac cacctctttg acctcagccg ccgctttgac ctgcgttttg ttgttatcca 240
tgaccggtat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300
ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag accttaagat 360
accagtattt gatgctgggc acgaacgacg gcggaaggaa cagcttgagc gtctctacaa 420
ccggacccca gagcaggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
ggcccgaag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agtaccacca 600
gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcatcaagt ttccagactt 660
caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtgggaca 720
gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccagc 780
acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
gaggcactgg cccgggctgg tgtgctaggg ggccctgcca caccagcatc aggcccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgacct caaggacacc1020
atcattgatg tggtagggcg acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
ccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtgggc1140
gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatggt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc ttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaag ggcagttttg gaaagggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctcttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggtacact gcattcactg aacatcgttt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact 1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccc 1080
acgacctacg gcactttgac cccgagttaa ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca 1140
agtcccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag 1200
gcttttctta tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttggtttta 1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtggagc cgccagctga 1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact 1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctctcagtg agctcatgag gttttcattt 1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gtttagagtgc cgccttagac 1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg 1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc 1620
caaagctttt cctatcgagc tgtttcagtt ctttattttc ccttgtggat atgctgtgtg 1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt 1740

```



```

gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggaagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gttaataact aaaattttatt gaaatgggtct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaaggggt ttttatggac caatgccccca gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatattaa2100
acttacaggc ttattttgtaa tgtaaaccac cattttaatg tactgtaatt aacatgggtta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttggtttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280
c

```

2281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gcccgccctg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctgagataca gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcttg ctggcatggc cctttcgggt ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaaccacca caggtgggtat ttgtgtcact 360
ttggccagtc tctaatccat gtcattcagg tggatcctcg ctacttcac atgctggccg 420
taatgtccta caacacctg attttccttg gtgtgggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagctta cccacttctc agcacagctt agctgggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
tgaggggaca tggagcccc tcttcagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggagtt cggaagccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac atagggccca 720
ggcatggctt tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccaggggagaa gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960

```

```

ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacctttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tattttttccc1080
attgaactcc tagttggcaa ttttgacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagaccta tttccctttc ttggggagag1200
aataagtga agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctgggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
tgggcgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
ttacttactg cttactcgtat atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac tttataaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tggggaattaa aaacaaacaa atacatttta gtaaatatat aaatttttaa tagaaaaaaa1740
agaaaaaagt agcaggggt

```

1759

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

gggtctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attattttaat 60
aagtcacggt tgattgggtcc gccctgagg ttaattctaa aagcccaggt taccgcgga 120
aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180
tgcgcgcttg cgcttcgctt cctggccctc gtttcctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcaactggg gcgcttcatt 300
tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactggt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
gggatttatg cagatgttgg aaataaaaacc tgcgcaggct tccctgggag ttttggtatc 600
tacgacattg atgccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatggt 660
tgttactgtg acagtttggg aaatttggca gatggttata agcacatgtc cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780

```

```

caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttgact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctgggc tatcatggct 1020
gctcctttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt 1080
caggataagg acgtaattgc catcaatcag gaccccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
agacagggag acaactttga agtggtggaa cgacctctct caggcttagc ctgggctgt 1200
gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgctctt ataccatcgc agttgcttcc 1260
ctgggtaaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa 1320
aggaagctag gggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
gtttaaa

```

1447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtcacctc ttgctcaccc ttgacttggga aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actccctctc cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttcc 180
tgacagggtc tcactttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240
cagcctcaac ctcccagagg cggggtttca ccattgtgcc cagactgggc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
cccaccttcc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtgagtgga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
agccaccgcc accaccgcc cgcgccacc cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaac ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgccc tctactgaaa a 831

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctcttgccca ggccagcccc tggttcccta cccatacccc tgtgagcttg 60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300
ccagcaccga gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
agctcctgga tgggtccggg aactcgccctg ggcacaagggt gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct cctcctgtgc catccccac attccctgtg ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgtcctcg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcagggttcc 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag gggtctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaattggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggtcgg gccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcagggtgcc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgttagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccagggtga gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgccctcg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttaa caggattctg cccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttacaaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaa
1027

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatttttggg gagccctgat 120
ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatagaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgtgttac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagaggtga tgtttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccagggtg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaatt 780
atgtttgcca gtttgtaaaa aattttccaaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgga atgaatggca agcttttcga tgaccttact 900
agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggg agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaattt tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatatat1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaata1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttca1440
cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaaggt1500
atcatcctta cccttctctt tgtctcacc agaaatatga tggggggaat tacctgccct1560
aaccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaattct1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaaccac aattcttcag1680
attgttcctc atgaatatcc cccttctctt gcaattctcc agagtggtaa cagatgggta1740
gaggcagctc aggtgaatta ccagcttgc ctctcaattc attcctcctc ttctctcaal1800
aggctgaagg cagggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcacctagt ccctcctgac1860
ccagggatgg aggttttgag tcccacagtg tggtgatata gagcactagt tgtcactgcc1920
tggttttatt taaaggaact gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta1980
tatagaggtc ttgtatgttt ttacttgggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca ttaataaaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaaaa2160

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

cgacgggccg cgcgccctggc gcatgcgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagcctc 60
tgcgcgctcgc cctccacggt taccgccgct ctccgcccct ccttctcgcg gcgctcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcgggt 180
gggtcaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaaaca caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacgggtg aaaattatga cattaataaag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccag attgccagcg cagggttgga gccgcataatt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttgga agaagctgag gaatataaag aagcacgttt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatggggg ggtttttgca 480
ttaaatcctg ggggtccattt tacaatccat tatttttgac cactgctaatt tgtgggtcaag 540
gagggatgag gaattgtcga ttggttttta gctgggttaca atataagatt cgtttgcgta 600
atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa 642

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggg agagcggagg agcgggtgcc 60
ggctgaagcg gggcggtggg cgcgagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcgacagt cagggcgag gttggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgcgg 240

```

```

cgcccgccgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
gaagcgggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcataaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
accgggccc acatctactt cacgctgggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
gccccctgga agatcccggc tggaaacgcc agatcacctt aggcctggtc aagttcaaga 600
accagcaggc catccagaca gtgcggggccc ggacagaccc cgggaccggg accctcgtgt 660
cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgctgaggtc 720
aaggcagctt cgttggttccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
tggaaggcat ggacgtgtgg aggagcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
ctcaggacat gcccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct 1020
cttagcccc tggctttgtg ccaggcctgg aggagggcag tcccccatgg ggtgccgagc 1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtaccaaagg gagtaccag ggctgggtac 1140
ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200
aagccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg 1260
ccctttcttt gcacacttct tccccacct ctacgcactt tccccccact gcggtgttcg 1320
gcctgaaggt ggtgggggtg agggggggtt tggccattag catttcatgt ctttcccaal 1380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa

```

1415

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

```

gcgcaggcgc agtggtagc ggcaacatgg cgtccaggtc taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtgggggttcc gcagccgccg gatccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagcttt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttgggagtggt gattaagcaa acggatgttt 360

```



```

cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgaggtttt tggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtgtg ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatgaca 540
ccaccaagcc tgtgggcctt ctcctaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgcccac gtaccagcag cttcagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatagcag 780
aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttaa ctactcagtg caggaggaga 840
gcgacacttg tctgggaggg aaatggctct ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900
ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaaa attaccagaal1020
aactcagttg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaaal1080
agtaggggtt tgtcccatgt gtctctgaca catttcaaaa ataccagttt tttaaaattt1140
tgggtcaaatt atgagtgggt gatttaaaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaattttaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgt1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tcgctcatg tatctcccat1320
atccagcagt tcagccatcc agctaccttt gggaecctgc tgcacctgt gtttgctggg1380
gagtcactgg agagtgcac tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgctgttc1440
cttattcatt gttgacacag gggatagggt atccactact tgctgtagaa tgccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagag1620
gaccactctt ggcattctct tgggtgattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagt ttttccttg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaataac1860
atctgccatt ctgagtgtg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gattgtgtgc ttggtaaaggc ttgtaaagtc tgatgagggt1980
aaagtgatct ccttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaaactct gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgtgc2220
cagataatct aagtcttcca atgcctgcat caaactttct ggtgctggtc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttgttag2340
gttggtctcc tgcatttctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttcctgaaga agatgagcca agaactctgt tgcgtatctc2460
tgctggctc ccttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tcttctttga taaacttggc atcttttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca tttctctttt ggatacaaaag gaacaaccac2700
cagttctcca agatctgggt ttaggttaga tccttgatag acagtttcac agactttctc2760
aatatcttgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctcaccg agtggatgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaatccttt tgagcctcac taaggtacac2880
aacctccaca ggggtgtttat ttttcacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgct

```

2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 665 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagaccog tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg gggcggagcc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca ttgcgggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcata gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggg gatgttgaaa 660
aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 904 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccttccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttagga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaagcaa gttgtcctta aaagtctctt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgcttc ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagtctct aacctcaact tttgtagaag tatttttttc tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggtag ccattgcttg gactttttta aaatataact ttttccttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
caccctaga actttcagcc atgggtgtct cagaattgta gcgcatttct gaatctaggc 780
aatccctcct tttaccggtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
gatctctagg aagggtgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
cccg

```

904

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttgctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtcctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgtcc 180
gaggcccgc aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300

```

```

ggatcccggtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatattg cattaaatta tttccatata ttatataata ggtccttcca 600
ctttttggag agtagcaaat cttagctttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatatct ctttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttcttttcta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tcctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atgggttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg ctttttagttt ctcttaataa aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaag1080
taaagactct gtcatgcaaa ttttaaccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140
cagtggttct tcatttttga tcatgcaaaa tgcatcttga cccagatggt ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt

```

1239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gccagcgga ggggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttggtg gccgcgtgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggcggtgtc 120
cgagcccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gccggcggc gtcgtgcatt ccttctcca 180
taacgtgggc ccgggggaca aatatacgtg tatgttcact tacgcctctc aaggaggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg cccagggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360
gggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gaccaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cggtgaagct gaaggggcct 600

```

```

gtgtccctga aaggccagca catcactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgct cggaggggct tgcaggggtg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagaggggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttccact tctgctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaga ggggtgggaa caagtggggg 840
ctatTTTTTg ggaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa ctttttttc cgtttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcggg 60
agcgggcggc gcgagcggga ggcggcggcg cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgcct gccactggt cagccttcag ggacctgag caccgcctgg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttcgccacgc tgcctcttc cttcccgtcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggcgcctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgctcctgc tcactttctt ccggtgctgc 480
tggttggagg ccaccatgc catcctcttc ttcgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gccagcaag acctga

```

556

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cgggggagtg aggagaaagg gggggccttg cggccggagg aggagtaggt gcggggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaagggtcat cgggatcgag 360
tggtccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggcctcatct tcccagaccg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccacgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tcccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
gactacgtgc acgccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcacatcg acctggactt caagggccag 1080
ctgtgcgagc tgtcctgctc caccgactac cggtgcgct gagggccggc tctcccgccc 1140
tgacagagcc caggggctga gcgttcttag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct 1200
ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcggt 1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc 1320
tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga

```

1349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccaactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaacaaaa ggctgggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttagggttag atttgaagac ggggcccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag ccctcttctc ctcttcccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttcttctca gggagcttca atgggaaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtcct 540
ttttttgaga gtgaatgggg gaggtggga agggaccag atttgtagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg ttgacagagc ggaagcagag tttggaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctacgtgagg aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720
gtgttcccac cctcagtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttgggttc cctgccccac aacatggtct 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg 1020
ctgtgcccgg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctggtgg 1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttct ctatttgtgg 1140
ggtattttcc cctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aagggtgtct gaccttgagg 1200
ctgatgaggg gaccctgcc tgtttcccc atactgagtt ctaggagggt gctcacccca 1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgagaal 1320
agggtaacct ccacgcttct ctctccaaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac 1380
aggctcccc tgcagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggccag ttaggggtag 1440
gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagag 1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaagggtg gcaagtagcc ttggctctct 1560
cccaccatgt ccacaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacctal 1620
ctgaaaagtt gggaactgag ggggtgcctc attccccctt gtacactttc tccagctcaal 1680
cttgggactt ggggtggtgg actggagacc tcacccctgc tcccgtcccg ccccttttct 1740
atcccaacct gtttccatgt agcagaccct tcctagggag cagggagggg aagccacaga 1800
ttgcaaacc aggggtcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatatcct cagcccaaag 1860
gcgatcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccggatc ttgtatcttt 1920
gtataacgga tgttatttgt acgaaggga gttcgtaaac agcacttgtt cttttaataa 1980
aagaatgttt tgcaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaa a

```

2021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```

gcgaccgcct ctactggaag tttagacctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60
gtctcgtagg tcctgacttc tttagctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttgatgac cctcaggggt gctgacctc gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
gatggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtgggtcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggccttggc atgacttaag aggaaggcca 360
gtcttggggc cgctatgcag gtcctggcaa acctggctgc cctgtctcca tcctgtccc 420
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tcctgttgt 480
gaggttcctt ccaggggctg gactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtagggtg 600
cctgcattct tctgccttct ggtgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
aaaaagttca cagtcaaagt gggaggggta ttcttcatgc aggagacccc aggcctgga 720
ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgagca 780
ctgctatcct ccaaagccat tgtaaattgt tgtagagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
tttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcgggcgagac cgcgggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgga gttccccgtg atctccgtgg tgggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgctgc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccaactcgat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360
cccgaggcgg agtccagaaa tgcagcggtt tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgctcct ggactccatg gtggagggtt acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gcccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctcaactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggag cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaatc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcggt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtcctccttg tctggttctg caccgctctc gctcccagcc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggcgggtga cacggccgca cctgccccaa agcggggccg cccagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggccctc ggtgcctgct gtgaactgct 1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa 1080
aaatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggcccctcc 1140
gcccggtgt ctgtgttcac agatgggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac 1200
gaaaaatcag gt

```

1212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```

ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtaga agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctggtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc cctccggaa gctgttgtag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtggtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttcac tgtctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 729 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```

tttttttctt tgggaagcag gagtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttctt ttctgaatc tcataatgat tcttgccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagt caccacggca aagagcctgc catactgccc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tgggtgctgg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tggggaactc agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaaggaggc tgctccgggc 600
cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660

```

aggggaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgagc ctcggccgga aacggaaacg 720
acgcgaacc 729

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

```
cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat catacccact gaggaataga ggccagggca 60
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct aggggaagcag aaggaggaag acgctggaat 120
cattgtcagg actgagaata tgggtgagt tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctctttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcaagt gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360
gggggcgtgg ctgagtacag gtatgtgtgg agggccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540
aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggaaat tcctttttaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggagga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcacccg agtcacccag 720
caggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaaatgcca aggcactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960
aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaaca 1020
tcctgaagat tattaaaagg aaaagatgct gattgggtaca taaatctttt acatggcctt 1080
ggtctagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac 1140
cttcacatat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatattg aaatacctca ataaagagag 1200
agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct 1260
gctgcagagt ggggtgggtggt agggtcagca ctgaccaggt ggggtcaaga acaat 1315
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacctgaac actaagtcct caatagctga gattctccat cttaatctac 120
ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggttttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtccag ctgagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct ccgtccctac acagggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcattg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc 1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaattc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg 1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt 1140
gccactttcc tactgatata tgggaggagg gcaaggccca gccgaagtcc cactaaaaat 1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgctttctgt 1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttatttaaa 1320
cattctattg taaatgaatg tgttgttttg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa 1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt 1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcat 1500
gcattgtgaa agctttccat acccttgggc attccctctc tcctctctct ccaaccccat 1560

```

```

ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttattttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctggt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaatctat ttctaacccta aagggtgctgc cctagtactt ttcttttgct1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a

```

2011

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaag aagacaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgct gaaggagcca aagtatagaa 540
caagagaaggc aagaaaaaca gcataaaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaactctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct cctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
agtgtgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attccttttg catggttgcc atgttggtta 900
aatttgtata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg ttttgtaggt gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgtaaatatg1140

```

```

ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga1200
tgcagagggt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaaggg1260
acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320
gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag1440
aggggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500
aaatggaaaa tccttaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag1560
aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga1620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag1680
attgttctta caacttgat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg1740
attaaatcct ttatcctggg tcttggtctt tccccattt gttaaatttt tttagcatat1800
ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtccacac ttgtgtgaca gggatgtctt1860
agtgcccgag tgacaagtga attttgagaa aatgcataga ctgggattgg gcatgtggta1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggtgtgtaca1980
tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc

```

2009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcatgagaag gccagctggt tgggggaaca gcccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgagag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccag ggcccttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggt cagcaagcca gccctacca cccgggcagc tgtggcgag gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctggagctc ccactcctca 480
gactccgggt gaagtgacgt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt cccagcgat 540
ggttttcgtg actgcaagaa ggggatccc aagcacggga agcggaacg aggccggccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgagggca agaagagcaa gcacgcgccc 660

```

```

agaggcacc accctgtggga gttcatccgg gacatcctca tccacccgga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgcg ctccgaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtggatgg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tgggaaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960
aactgagggg tggaaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgattg tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgctt cccacccctc ctcttggaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaaa1260
tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcggttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactcccta1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctccac agagtgtggt actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc cttctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggccttttg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgaggggtg gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaac gatttcctgt agcagggtgt1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtcctgttta1980
ggactgattt ttctatttag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttgtggaa tagatggttt tgcattccag ccaagtgtgc tgtaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc tgagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggt tttttaattg caacttttac tttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacaa tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcattttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcatctc cctccttcc ctctcttgta gccttttgac ttccattgga aattaggatg 480
taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattg ggttccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tcccccttac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcattttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca1020
tattaatata atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctgggtt tcatgacaat ggcagatgta aagttattct1200
tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc1260
tctagaaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccagggtattt1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctatttt1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc1500
tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtatt gggataacct gtggtggttg tgatccctag1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccatcccctg tgggaaatta1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaaagc1680
aaacccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaaagttt tcccttcatac1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg1860
tcaaaaaaaa aaaa

```

1874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 687 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccacctgcc 540
tctacccaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggtgtg ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtct tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggggtgtg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

gagcaacgct ggagcatccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tgttcccgtc gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaatca 120
ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacaggaac cagcaggtgt tgggtcggaa actggacctg tctgatacta 360
agtctattcg agcttttgct aagggcttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccce tctgctgcta gagaaactaa 540

```

```

aggaatcagc cccatcaagg atagtaaagt tgtcttcctt cgcacatcac ctgggaagga 600
tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actgggtcgg cactcatctt 780
tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag caggagagccc 840
agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg 1020
gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccttca 1080
aggttttcaa aaccttttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttgggtg 1140
ccagttaaaa ctcagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact 1200
ttgcttctgt tactgccaga gttactagat atatacataat aggataagaa gaccctcata 1260
tgacctgcac agctcatttt ccttctgaaa gaaactacta ctaggagaa tctaagctat 1320
agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctcccc 1380
accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaa 1440
agactggctc aggagcaggg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca 1500
agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc

```

1528

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

RDTVVGDGTE RSVTASRASA PRPWQSQTDS DSDSEGAAG GEADMDFLRN LFSQTLISLGS 60
QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTONIDTLE 180
RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR

```

212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPFVSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```
GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```
GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60
DPRYLVDQTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMW 120
SKPRNVQILN MVTRQALWA NTLGSLALLY SAFGVIIKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```
DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAASVK LERPVRGH 118
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```
ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLEFVRK 60
VDPRKDAHNS LLAKKETSNI YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFDTAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60
GFTSQATARPO APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60
LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120
ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180
LRESQSYLVE DLSRS 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

PGLAAGLATL LLPSPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60
SRP 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPQ 60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGGGKPV WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLIEVSQK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTM R PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60
EWKKLIMVOH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY REIDLNSVLL 180
KLGIKPSINY YQVADFCDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLIS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96 :

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQLEFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60
ISGICFLAVF STFLPPW 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99 :

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120
GAAAALPWPG TR 132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLEW 120
PWASTLGSWP 130
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

RPFIRAFACS	KMAAVSMSVV	LRQTLWRRRA	VAVAALSFSR	VPTRSLRTST	WRLAQDQTQD	60
TQLITVDEKL	DITTLTGVE	EHKTRKVRI	FVPARNMQS	GVNNTKKWKM	EFDTRERWEN	120
PLMGWASTAD	PLSNMVLTF	TKEDAVSFAE	KNGWSYDIEE	RKVPKPKSKS	YGANFSWNKR	180
TRVSTK						186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLQPAL	GPGETTAVLLL	QISTRPEDLG	ETVCSLKFAD	RVGQVELGPA	RRRRVPRSSG	60
TPSSLSTDTP	LTGTPCTPTP	SPGSPPCPSP	DNGSGSALAP	AEGLPL		106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR	KDGAMFFHWR	RAAEEGKDYP	FARFNKTVQV	PVYSEQEYQL	YLHDDAWTKA	60
ETDHLFDLSR	RFDLRFVVIH	DRYDHQQFKK	RSVEDLKERY	YHICAKLANV	RAVPGTDLKI	120
PVFDAGHERR	RKEQLERLYN	RTPEQVAEEE	YLLQELRKIE	ARKKEREKRS	QDLQKLITAA	180
DTTAEQRRTE	RKAPKKKLPO	KKEAEKPAVP	ETAGIKFPDF	KSAGVTLRSQ	RMKLPSSVGQ	240
KKIKALEQML	LELGVELSPT	PTEELVHMFN	ELRRTWCCST	SSSRPVPTAS	MSCRCCGTVM	300
RHWPGLCV						308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE	VQSILKISQP	QPEELMNANP	SPPSPSPSQI	NLGPSSNPFA	KPSDFHFLKV	60
IGKGSFGKVL	LARHKAEVVF	YAVKVLQKKA	ILKKKEEKHI	MSERNVLLKN	VKHPFLVGLH	120
FSFQTADKLY	FVLDYINGGE	LFYHLQRERC	FLEPRARFYA	AEIASALGYL	HSLNIVYRDL	180
KPENILLDSQ	GHIVLTDFFGL	CKENIEHNST	TSTFCGTPEY	LAPEVLHKQP	YDRTVDWWCL	240
GAVLYEMLYG	LPPFYSRNTA	EMYDNILNKP	LQLKPNITNS	ARHLLEGLLQ	KDRTKRLGAK	300
DDFMEIKSHV	FFSLINWDDL	INKKITPPFN	PNVSGPNDLR	HFDPEFTEEP	VPNSIGKSPD	360
SVLVTASVKE	AAEAFLGFSY	APPTDSFL				388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```
TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYLAYP LLSTA 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP SCISEKLFME 120
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAQORD SEGRLOADPO RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDWTSFNQE 300
RIVDVAGPGG WNDPMLVIG NFGLSWNQOV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSPF ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS 60
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

TKLTPGQASP WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

MSPAPSSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

FFFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGIGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTDFDVPGL SELGAGDI 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60
DFSVSFVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDL EEAEY 120
KEARLVLDVSV KLEA 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAA AVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120
RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCPKPP GAPSFLHATH HL SAEVKAAS LFPLACGGTA 60
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGR LRR AEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
ASYGMRGSWH RSPLPAVVL P SVLQTALSPL ALCQAWRR AV PHGVPSQRLR NQEASLV PKG 180
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLLR SFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240
PPLRCSA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

SKLNSYYGNV PVIEVKNKH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVLTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIA NSLVMQPIQ SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPPKPAEM QEANLTSMLVF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAE ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEEAALT CWKTFHPE GDHFTLISIYK AYQDRTLNSS SEYCVKWCW DYFLNCSALR 360
MADVIRAEEL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
GVGGSSY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AAALALRIAA AMASQSGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```
SNMAAPSGGW  NGVGASLWAA  LLLGAVALRP  AEAVERSEPTTV  AFDVRPGGVV  HSFSHNVGPG  60
DKYTCMFITYA  SQGGTNEQWQ  MSLGTSEDHQ  HFTCTIWRPQ   GKSYLEFTQF  KAEVRGAEIE  120
YAMAYSKAAF   ERESVPLKT   EEFEVTKTAV  AHRPGAFKAE   LSKLVIVAKA  SRTEL       175
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```
APPGLFPVAS  PELKRCGMAR  ACLQAVKYL  FAFNLLFWLG  GCGVLGVGIW  LAATQGSFAT  60
LSSSFPSLSA  ANLLIITGAF  VMAIGFVGCL  GAIKENKCLL  LTFFRCCWLE  ATIAILFFAY  120
TDKIDRYAQQ  DL                                     132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVD VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFD SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFTIDLD FKGQLCELS SCSTDYRMR 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTAVVRDLK TGPRLG MNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVS ASGGA EYQRR GMAVTISPSP NLSPPFFES EW 120
GRVGRDPDL 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFCPT TWSPHGWLAV CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPQGV LRLMRGPLP VSPILSSREV 120
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFLLRVW GEHLPRITQYG GNRQGSPHQP QGQDTLRQQQ TQEPGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPS 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLK KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60
GHLGCGGHA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60
QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAAE AARETTRRSR KMRTREFFPV ISVVGYNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLI GWSPNHSFLV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60
LLDFFFISEP LFKLSLAKFD APPEAVAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVITLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSF 60
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120
VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCLE NLREADQREA 180
APGPEGLRML WLHADSRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVSVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLDPDPVEET RHHAENVVKKV NEMIVTGQYG RLFVAVHFAS 120
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLL GKDL VRVEATVIEK 180
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAACKLKL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180
C 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEQRDRKQOE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQOE LIEKQRREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

TRKERSKEQR	SRGEVEEKKH	KEDKDDRRHR	DDKRDSEKKEK	KHSRSRSRER	KHSRSRSRSRN	60
AGKRSRSRSK	EKSSKHKNES	KEKSNKRSRS	GSQGRTDSVE	KSKKREHSPS	KEKSRKRSRS	120
KERSHKRDHS	DSKDQSDKHD	RRRSQSIEQE	SQEKQHKNKD	ETV		153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM	IGGTEMTKEI	PRKRKNTVEA	EAEKGNTEVG	VEVEMQGNEV	EVEAKRNQVN	60
IKMKVKKNQI	NEVEVAVKEE	LTVLKNQKNG	NIVPAKKNLE	SVVEAKNVPT	NEITVIVRTS	120
QTNMIVEGAK	V					131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLGRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN 176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTGNQQVL VRKDLSDTK 120
SIRAFKGFEL AEEKHLHVLI NNAGVMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLEKLG 180
ESAPSRIVNV SSLAHLGRI HFHNLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSV 240
TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRMMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1624 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

```
TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCGTTT CTGCGCGGGC TCCCGGCGCT 60
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGCCACGG CGGCAAGTAC 120
TCGCGGGAGA AGAACCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC 180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240
AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300
AAGAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420
NGACCAGCAA CTCCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540
AGCTCTGGCG GGAGTTCCTG CATCACAAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720
GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAGGGC 780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA 840
GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GCGGTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT 900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGCGCACG 960
AGAAGCTGAG GCACGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNNAGCC1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA1080
ANGAAGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140
CTCTGAANGG CNATTGGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGNA1200
ANGGACCNTG NGGCTCTTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNGCC GTCAGGGTGG1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT1320
GCCGTCGCGA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTTGG GTCTGAGATC GGCCCAGCNT1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTNGA1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500
TACATNAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGCACAGAGT CCTTAAAAAA1560
TANGAGTGCA GTATTTNNNA AACCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAA
```

1624

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

```

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCTTGAG ATCACTCTGA TGTCAACAGT 240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCATCA 660
AAGTTCACCTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAG 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTT ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTGTTGTAAG AGGTTTTTTA TACATTTCAA1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCA1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAACGG CTCGAG

```

1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

```

CTCAGTATTA AGCAACAGAA AATGAGACTC ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA 60
CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTCGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA 120
GCACTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGCGAGCAG 180
GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGCA GCCCCAATGA GTTCAAGGTG 240
TACATGGGCC ACGGTGGGAA GCCCTGGGTC TCCGACTTCA GTCACCCCTCA TTACCTGGCT 300
GGGAGAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCAG GGAAGGCGGC 360
AGTATTCCCG TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT 420
GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACTCC CAGAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC 480
ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCCGCGTAC CTGTATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG 540
GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAGGAATCC TGCCCTCACC TCACCCTTTT 600
CCAAGTTGCC CAGGGAAGTG GAGGTTCCCT CTTTCCTTTC CCTCTTGTC GGTATCCCAT 660
GACTTTAGAG AACAGACACA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC 720
TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGTA AGTTCTCAGA GTGGTCAGGA 780
TGGCTTGACC TGCAGAAAGT ACCCAAGGTC CAAAAGCACA AGGTCTGCGG AAAGTTCTGG 840
TTGTCGGCTG GGCACCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG 900
AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA ACAAACAAG ACTCTGTCTC 960
TACAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC1020
AGAAGGCTGA GGCAGGAGGA TCGCTTGAGA CCAAGAGTTT GAGCCTGCGG TGAGCTGTGA1080
ATGCACCACG GCACTCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCTCTAC AAGAAATTTT1140
TTAAAAATGA GCCAAGTGTT GTGGTGCATG CCTGTAGTTC CAGCTACTCA GGACACTGAC1200
GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG1260
CACTCCAGCC TGGGCGACAG AACGAGACCC CATCTCAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA1320
TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCTCAGG TGATGCATTG1380
CACATTGGG ATATTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTCTC1440
GCTATCTGCG GTCCTGTCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTAAGGTGT TTTCTGTCT1500
TCTCTTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAG GATGATTTTG TCTCAGTTTG1560
TACTCCTAAA TAAAAAGTAA ACATGACACC TCTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAAAAAAAA AAAAAAAA

```

1638

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2589 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

```
CAACCAGGGA GATTTCTCCA TTTTCCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60
TTTTATTACT TCTTTTTTTT TCGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120
CCACCCTTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCTGTTT TGTCCTCTCC ACCACCCCA CCCCCTCCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCGCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTTCCC CTCTTGATC TGTTGAGTTT CTTTGTTGAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCGGCTGT GGCCTCGTCG CCTTCCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCC CGCGCCGCCG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCGGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGGCGT CGCCCTCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CCGCCGCCGC TGCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720
TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCCT CCTCGACTTC TTCGCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCCACGCC CTCGCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAA AAAGAAGCGC 840
TTTTCTTTCA AGAAGTCTTT CAAGCTGAGC GGCTTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGGCG GCGCGGCCCT CCGGGGAGCA GGCAGCGGCG1020
CCGGGCGAGG AGGCGGCAGC GGGCGAGGAG GGGGCGGCGG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCCGCC1200
GCCTGCGAGG CCCCCTCCGC CGCCGGGCCG GCGCGGCCCC CGGAGCAGGA GGCAGCCCCC1260
GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGGCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC1320
CAGCCCGAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCA CAGGAGGCGG CAGAGTAAA GAGCAAGCTT1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTTCTCCCC CGTTTGTTTG TTGGAGTGGT GCCAGTACT1440
GTTTTGGAGA ACTTGTCTAC AACCAGGGAT TGATTTTAAA GATGTCTTTT TTTATTTTAC1500
TTTTTTTTTAA GCACCAAATT TTGTTGTTTT TTTTTTCTC CCCTCCCCAC AGATCCCATC1560
TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTCGAGGA GAGCTTAAAC ACCTTCTTCC1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTTA TTTTTTATTT TTTTCGCATCA GTATTAATGT TTTTGCATAC1680
TTTGCATCTT TATTCAAAAG TGTAACTTT CTTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCATATAT1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGGA1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG1860
TCTTTTTTTT TTTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTTGTGAGGC AGGTTTACAA1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GAAAAAAGA AAAACACCA ATACCCAGAT1980
TTAAAAAAA AAAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTTCATTT AAACCATAGG AACTTTTAC2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTTT2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAATT ATGTATTACC AGCAGGGTGT2160
TTTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTTGC2220
AACTTTCCAC CCTGCCCATT TTTGTAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTTT TAAACACAA2280
ATTTTAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT2340
TTTGATTACA GCAGATAATG CTTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GGAAAAAAA2400
TCTTCAGATG CAATGGTTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTTGTAA ATACTGGAGA2460
AGCTTTGACC AATTTGACTT AGAGATGGAA TGTAACCTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA2520
```

ACTCCTGCTT AAGGTGTTCT AATTTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580
ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2963 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

```
CTGCAACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGAGTCCAC 60
CGCCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCTCTTGG 120
GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCCAGGA GCTGCAAGGA 180
TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATAG CGAGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240
TTACGCCTCC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300
GGACCCGGCC AGGGGCGCCG TCCACAGCAC CCCCAAAGGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360
TCCGGCCGGC TGGCCCGACC CAGAGCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420
AGCCCCGCCT GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA GCGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480
GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540
GCCAGCCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600
TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660
AGAGCCCCAC ATCCTCGCGC ACGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCGGAC TGCGCCATCA 720
CAGTCAAGAG CCCTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780
TGCGCACTGG GAGCGCCCAG GCCGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTTCAA 840
TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCAATTT GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCC 900
TCACCCCA CAAGGCTGCGG CATCACCTC AGACCTTGGA GCCCAAGGGG CCACTGCCCT 960
TGAAGTGAG TGGGCCCA GAAGTGGCGT CCCCATGGTG GCAGCCCCC GACTGATCAT1020
CCAGACACAA AGGTCTTGGT TCTCCAGGA GCTCAGGGCC TGTCAGACCT GGTGACAAGT1080
GCCAAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGCGTG GACCACTGGG CCAGCACCGC TGAGTCTTAA1140
GACTGCAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGGCCAGA1200
GTTCAAGAAC GCCGGGCACA GACCAAAGAC CGCGGTCCAG CCCCAGCCAG GCGGGCATCT1260
CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTTGT1320
CTTAAATCA CTTCGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATTT GTATGGGACT1380
CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTGC ATTCGTGCTG ACTTTGTTAT CCCGAGAGAT1440
CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTTCTCTG TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG1500
```

```

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560
GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620
GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTTCGT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680
CTGCCATCTG CCCC GGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740
AGGAGCCCTG CTGAGGTCAC TGTGGGGCAC GGTTGCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800
GTCATTCTGT GACCACCACC CCTCCCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCG GGAGCTGCAG1860
GTGGGGATGG CTTTGTCTCT TGCTCCTGCT CCCC GTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920
CAGGTTCCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCCAGGC CGTTACATAC CTCCTGCCAA1980
TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCCTC TGGAGTCTGA2040
CCAATTACTT CATTTTGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100
CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTTGGG AATTACACAC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160
CAGCTGGCAC ACGTGGCCCG AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAAGTGTG AGACATGTTT2220
GATTTTAGCG TTTCCCTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280
CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340
CACTGTTTTA AACTTGACCC TGATGAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400
AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460
CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTTCGA AGATAAAAAA2520
CTCTAGTCCC TTTAAACGTT TGCCCTGGC GTTTCCTAAG TACGAAAAGG TTTTAAAGTC2580
TTCGAACAGT CTCCTTTCAT GACTTTAACA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTTT2640
GTTCTATTTT TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATTT TTAATTTTGT2700
CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760
TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTTTAA CAGAACGTGT2820
ATTTATTAAT GTTCAAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880
TTTTGAATTT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAA2940
GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA

```

2963

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

```

CCGCAGAGGG CCGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60
AGAGCGGGCA CCGCGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

```

```

GCTCCAGGCA GGGCGGGCTG CGCTGGCAGC GGCCGCTGAG GTGCTGGCCG GCCCGCTGGC 180
TGGCGACGGG GGCAGAAGCG ACGAGAGGCG CGCTCGGCAC CCGCACCCCC GTGCCCCCGC 240
CTCAGTTGTC TAAACTTCGG GCTCTCTTCC ACCGTCTGCG CGCCAGAGT CAACAACTTC 300
TTCACCCCC TCCGCCCCCG CCCTTCCCTC CGTCAGCCCC GGGAGCTCGC CGCGGCCCGG 360
GGACCAGGAA CCTCCAGCGC TGAGATGTGG CCGTGAGGCG TTGGCGGGCG CCGAGGAGAA 420
GCTCGGCGGC GTCCCGGGGC CGGAGGGCCG TGGGGCCGGG GCGCAGGGGC GCGAGACCC 480
CGCGCCTCTC CCCC GCCTCC TCCTGCCGTC TCCGCCGCTG CCCGTGCCTT GCAAGCAGCA 540
GCCGGAGCTG CCAAGCGTCA GGGCCGCGGA GATGTCGTCG TCGTCGCCG CGGCGGGGGC 600
TGCCAGCGCC GCCATCTCGG CCTCGGAGAA AGTGGACGGC TTCACCCGGA AATCGGTCCG 660
CAAGGCGCAG AGGCAGAAGC GCTCCCAGGG CTCGTGCGCAG TTTCGCAGCC AGGGCAGCCA 720
GGCAGAGCTG CACCCGCTGC CCCAGCTCAA AGATGCCACT TCAAATGAAC AACAGAGCT 780
TTTCTGTGAG AAGTTGCAGC AGTGTGTGAT ACTGTTTGAT TTCATGGACT CTGTTTCAGA 840
CTTGAAGAGC AAAGAAATTA AAAGAGCAAC ACTGAATGAA CTGGTTGAGT ATGTTTCAAC 900
TAATCGTGGT GTAATTGTTG AATCAGCGTA TTCTGATATA GTAAAAATGA TCAGTGCTAA 960
CATCTTCCGT ACACCTTCCCTC CAAGTGATAA TCCAGATTTT GATCCAGAAG AGGATGAACC1020
CACGCTTGAG GCCTCTTGGC CTCACATACA GTTGGTATAT GAATTCTTCT TGAGATTTTT1080
GGAGAGCCCT GATTTCCAGC CTAGCATTGC AAAACGATAC ATTGATCAGA AATTTCGTACA1140
ACAGCTCCTG GAGCTTTTTG ATAGTGAAGA TCCAGAGAGAA CGTGACTTCC TGAAGACTGT1200
TCTGCACCGA ATTTATGGGA AATTTCTTGG ATTAAGAGCA TTCATCAGAA AACAAATTA1260
CAACATTTTC CTCAGGTTTN ATATATGAAA CAGAACATTT CAATGGTGTT GCTGAACCTC1320
TTGAAATATT AGGAAGTATT ATCAATGGCT TTGCATTGCC ACTGAAAGCA GAACATAAAC1380
AATTTCTAAT GAAGGTTCTT ATTCCTATGC ATACTGCAA AGGATTAGCT TTGTTTCATG1440
CTCAGCTAGC NATATTGTGT TGTANCAGTT CCTGGAGAAA GATACAACAC TAACAGAGCC1500
NAGTNGATCA GAGGACTGCT GAAATTTTGG CCAAAAACCT GCAGTCAGAA AGAGGTGATG1560
TTTTTAGGAG AAATTGAAGA AATCTTAGAT GTCATTGAAC CAACACAGTT CAAAAAATT1620
GAAGAGCCAC TTTTCAAGCA GATATCCAAG TGTGTATCCA GTTCTCATTT TCAGGTGCA1680
GAAAGGGCAT TGTACTTNCT NGGAATAACG AATATATTCT TAGTTTGNAT TGAGGAGAAC1740
ATTGATAAAA TTCTGCCAAT TANTGTTTGC CAGTTTGTAC AAAATTTNCC AAAGAACACT1800
GGNAATCCGA CCATTGNTAG CACTNGGTAT ACAATGTGCT GAAAACCTTA ATGGNAAATN1860
GAATGGCAAG CTTTTCGATG ACCTTACTAG CTCATACAAA GCTGAAAGAC AGAGAGAGAA1920
AAAGAAGGAA TTGGAACGTG AAGAATTATG GAAAAAATTA GAGGAGCTAA AGCTAAAGAA1980
AGCTCTAGAA AAACAGAATA GTGCTTACAA CATGCACAGT ATTCTCAGCA ATACAATTGC2040
CGAATAAAAA AAAAGCCTCC CACCTCTGCC GGATAGGCAG AGNNTTTTGT ATGCTTTTTC2100
GAAATATGTA AAAATTACAA AACAAACCTC ATCAGTATAA TATAATTNAA AAGGCCAATT2160
TTTTNCTNGG CAACTGTNAA ATGGAAAAAT ATATNNNGGA CTAAACGTNA GCCCTGTGNC2220
TGTATCATGG CCATAGTATA TTGTAACCTT TGTCTAATCA TTGGATTTAT TGTGTCACTT2280
CTGAAGTTTC ACAGAAATGA ATGAATTTTA TCATCTATGA TATGAGTGAG ATAATTATGG2340
GAGTGGTAAG AATTATGACT TGAATTCCTC TTTGATTGTG TTGCACATAG ATATGGNTAG2400
TCTGCTCTGT ATATTTTTC CTTTTATAAT GTGCTTTTCA CACTGCTGCA ANACCTTAGT2460
TACATCCTAG GAAAAAATAC TTCCTAAAT AAAACTAAGG TATCATCCTT ACCCNTTCTC2520
TTTGTCTCAC CCAGNAAATA TGATNNGGGG GGAATTACCT GCCCTNAACC CCTCCCTCAA2580
TAAATACATT ACTGTACTCT GGNAATTTAN GGCAAAACCT NTAAATCTNN CCAGGCTTTT2640
TAAAGNCACA AAATNATAAA TAAAAGCTGG GAAAGTAAAC CAAAATTCTT CAGATTGTTC2700
CTCATGAATA TCCCCNTTC CTCTNGCNAA TTCTNCCAGA GTGGTAANCA GATGGGTAGA2760
GGCNAGCTCN AGGTGAATTA CCCNAGCTTG CCTNCTNCAA NTTNCATTCC NTCTCTTNC2820
CTCTNCAAAN GGCTNGANAG GCAGGGCCTT TNCCAGTCCT CACAACCTGT CCTTNCANCC2880
TAGNTCCCTC CTGANNCCCA NGGGATGGNA GGNCTTTNGA GNTCCACAG GTNGGNTGA2940
TNACAGAGCA CNTAGTTGTN CACTGNCCTG GCTTTATTTA AAGGAAGTGC AGTAGGCTTC3000
CTCTGTAGAG CTCTGAAAAG GTTGACTATA TAGAGGTCTT GTANTGTTT TACTTGGTCA3060
AGTATTTCTC ACATCTTTTG TTATCAGAGT ACCATTCCNA ATCTCTTAAC TTGCAGTTGT3120
GTGGAAAAC GTTTTGTAAT GAAAGATCTT CATTGGGGGA TTGAGCAGCA TTTAATAAAG3180
TCTATGTTTG TATTTTGCCT TAAAAAATAA AAAAAAATAA AAGGGGGGTA GCCA 3234

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3080 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

```

GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTTG AAGCTTATTC CCTATCAGAT AATGATTATG 240
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360
CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTTT TGGTTTCATA AGCCTTTTAA 420
ATTTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540
CCACCAAGCC TGTGGGCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTTCAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600
CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAA 720
ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTACTCAGTG CAGGAGGAGA 840
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCGAA 900
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960
TATCTGTCTA ACCCATTTCC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTGTAAA ATTACCAGAA1020
AACTCAGTGG AGATTTACTG AAAAATCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAA1080
AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTTACAAA ATACCAGTTT TTTAAAATTT1140
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTTCCAAG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200
GTAATTTAAA GAACCTCAATA AAAACTTCTA TTTTTTATTT TAAAATAATA TACACAGTGT1260
TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTTT GGGACCTTGC TGCACCTTGT GTTGCTGGG1380
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTTCA GTTCAAGGAC GTCTCACACA TTTGCTGTTT1440
CTTATTCAAT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGCTCTTACT1500
TTCTACTAGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTTTCAAG1560
AGAGATTTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620
GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680
CTGCTTATGT GTCAGCATTG AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTTCCTTGG AGCCAAAAGC1800
AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTGCTT GATAATTTCT AAGAGTTCAG CTCGAATAAC1860
ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACA1920

```

```

GTA C T C A C T G   C T A G A A T T C A   G A G T T G T G T C   T T G G T A A G C C   T T G T A A A T G C   T G A T G A G G G T 1980
A A A G T G A T C T   C C T T C G G G A T   G T A A A A A T G T   C T T C C A A C A A   G T C A A G G C A G   C C T C T T C A G C 2040
T C C A T G T G G C   A C A T G T G A A A   A G C A A T T T G G   A G C T G T T A C C   A T G G C C G C G A   T T G T T A G C A C 2100
T T C A T C T A C A   C A G T C A A A T T   C A C A G G A C G C   T A A G A T A G A C   T T C G A G A G T T   G T G G A T C A A G 2160
A G G A A A C T C T   G A C A T G A T G A   T T C C A A A T T C   A G A A A G A T T T   C C A T C A T T A T   C C A G T G C T G C 2220
C A G A T A A T C T   A A G T C T T C C A   A T G C C T G C A T   C A A A C T T T C T   G G T G C T G G T C   T G T T C A T G A A 2280
G T C A C A G T G G   C C T A G G C C C G   C A A T G T C T A T   C C T C T T C A T A   A A A A G C A C C A   T G C T T G T T A G 2340
G T T G G C T T C C   T G C A T T T C T G   C T G G C T T C A G   T G G C G T C A T G   T C T T T G G A G G   C A A A T T C T T C 2400
A G T G T A C A G G   C A G A A A A A T T   T T C C T G A A G A   A G A T G A G C C A   A G A A T C T G C T   T G C G T A T C T C 2460
T G C C T G G C T C   T G G C T G A T G G   G C T G C A T G A C   G A G C G A G T T T   G C T C T T A T T C   T C G G G T T G T A 2520
C A C C T T T C T T   C T T T C C A C A C   C C A C A T C G A T   A A C A A A T C T G   A C T G A G T T G C   T C C A G A T C A A 2580
A A A C T C T C C A   G A G C T A G T A G   T T A A C A C C A C   T C T T C T T T G A   T A A A C T T G G C   A T C T T T T T T C 2640
T G T T T C A T C G   A G T G G C T T G A   A C A A T G A A C A   T T T C T C T T T T   G G A T A C A A A G   G A A C A A C C A C 2700
C A G T T C T C C A   A G A T C T G G G T   T T A G G T T A G A   T C C T T G A T A G   A C A G T T T C A C   A G A C T T T C T C 2760
A A T A T C T T G T   T C A C A G G C C A   G A A A G A C T A C   A A T G T C A C C T   T T C T C A C C C G   A G T G G T G A A T 2820
T T C A A G A T A   A G G C G T A A A A   T A G A C T C A A A   A G A A T C C T T T   T G A G C C T C A C   T A A G G T A C A C 2880
A A C C T C C A C A   G G G T G T T T A T   T T T T C A C T T C   T A T G A C A G G C   A C G T T T C C A T   A A T A A G A A T T 2940
G A G T T T G C T G   A T C A G G T G A G   G T G A G G A G T T   A A T T A T G A G C   T T C A G T T C T G   G T C T T G C T A G 3000
T A A A A C A T C T   T T A A G A A G T C   C A A G T A A C A C   A T C A G T T G C A   A T G C T T C T T T   C A T G A A T A T C 3060
A T C T A A G A T G   A T G A C C C C A T

```

3080

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

```

G A G T G A G T G A   G T G T G T T G C A   T C G A A T T A A G   G A C T C T T G A A   G A G A A G A G A G   G T C C A T T C A G   60
G G T T G T C C A G   A T T G A A G T G A   G G T C T C A C G G   T G A A A A G A A A   A G G A A A A T A T   T C A G A C T C T C   120
T T G A A A T C C A   A A G A G C A A G A   A G T A A A T G A A   C T T C T G C A A A   A A T T C C A G C A   A G C T C A G G A A   180
G A A C T T G C A G   A A A T G A A A A G   A T A C T C T G A G   A G C T C T T C A A   A A C T G G A G G A   A G A T A A A G A T   240
A A A A G A T A A   A T G A G A T G T C   G A A G G A A G T C   A C C A A A T T G A   A G G A G G C C T T   A G A G C C C T C   300
T C C C A G C T C T   C C T A C T C A A C   A A G C T C A T C C   A A A A G G C A G A   G T C A G C A G C T   G G A G G C G C T G   360
C A G C A G C A A G   T C A A A C A G C T   C C A G A A C C A G   C T G G C G G A A T   G C A A G A A A C A   A C A C C A G G A G   420

```

```

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480
GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540
AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600
GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTCG TGGTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660
CCCTTTCCAA AGGTTTCTGA GGACTTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCCGCCT CAGAAGTGCT 720
TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAGT CCCTGTCATC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780
GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840
TGACTGGCTG AGTGGCTTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900
CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTACAGACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960
GGCTTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATTT CTAAGTAAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020
AGTATCTGCT TAAAACCTTT CATCATGATA TCCTGTGGAT TTAAAACTC TAATTCCATG1080
TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140
GCACTATTAA CTAAAATATG AAACCTAAAA ACAAAGCAA GTTGTCTTAA AGAGTTCTTT1200
TTTTAAGTAA ATTGTGACA TACTGCAAA TTTCTATGCA AACTTGCCCTC CTGCTGTTAT1260
CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTTGT GTTCAACAA GGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320
TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTTTC1380
TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTTCATAT CTGAAGTCTT AAATAAGTGA1440
AATTACAGTA GATTATATTA ACAAATACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTTAA1500
AAATATAACT TTTTCCTTAA AGTTTTTCAGC TATAGCAAAA GGAGTTATG TATGCCAGAC1560
CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCCTAGA ACTTTCAGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620
GCGCATTTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTTGA ATGCCCTGAC1680
TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTTCAACT1740
TTGAAGCTAA AAACCCTGAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800
AATATTTCTG TTCACCTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860
TTATGGCATT AATCTTGTTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920
CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980
GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAAA2040
GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTTACT TTTCTTAAGT TGTTTAATTA TAGTTAAGCA2100
ATTTCAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160
CACAACAGCC CTTTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220
TTTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTTATTA2280
CGAGTACTCT GGTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTGTAGTAT TTTGTCTTTG2340
TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTTGTTTCAT TTTGCAAAAA AAAAAAAA2400
ATGAAAA
2407

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1625 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT AGGTCATCTA GTTGTATTGT 60
ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTTCAACT GTTTTTACCT ATAAGATTTT 120
GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAG GGCTAGTATG 180
AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240
CTTGCCCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300
GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360
TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTTGTGTG CTAATGTCCT 420
AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTT GCATGATCAA AAATGAAGAA 480
CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540
CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTTGAATTCT 600
ATCATCTAGT AATTTTGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTC CACTAGTATT 660
CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG 720
TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCA AGAAAGTGTT 780
AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTTT 840
TTTTTAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTTG CTTGAGCCAA 900
AAGACATAGG AAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTC CTAAGAAATA TGAGGTAAAA 960
AGATGAAATC TTTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTTG CTACTCTCCA1020
AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080
GTAAGTAGAG CTGTGCTAAG CTTTCATATTC GTGAGGGCAT CTAAAATGCC ACTCCACAGC1140
ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTTT CATGGATTTT TGGCCGAATG1200
TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCTAAG ACTTCATCCC TGTTCCTGCCG GAAGTATGTC1260
TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320
GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380
TCAATTTTCAG CCTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGC GG1440
GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCCTGA1500
GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560
AAGGCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620
CTTCG

```

1625

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1402 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

```

TAAAGCTGCG GCGGCGGTTC GCGTTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGCGGCGGG 60
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GGCGGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
CCACCTGCCT GCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTTTCT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGGC ATGGCGCGCG CCTGCCTCCA GGCCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTCGCCACGC TGTCTCTTTC CTTCCCGTCC 360
CTGTCGGCTG CCAACCTGCT CATCATCACC GGCGCCTTTG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
GGCTGCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAG TGCTCTCTGC TCACTTTCTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTTCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGCACCT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCTCAC CAACGCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GCGGTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGGTTCGAG GTGTACAACG CCACGCGGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCG CCGTGCTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCCC ACCGCCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCCC 960
ACGGGGAGAT GGCCGCACCC ACAGCTGCCT TTCCCACCAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCC1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGCCC CCGGAACCCT GTTTCTGGAA1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC1140
TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTTAT ATTTACGTAT1200
TCTCCAAAGC AGTGTTACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAACAGG1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCCTGGT CCTGGTGCTC1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGGG CTCCTGGTGC1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2159 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

```

TAGAATATTC ATGTGAGTTC ATTCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60
TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120
TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180
TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGGCGCAAAA GGAGGCAAGA 240
AGAATGGGAG AAAGTTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300
CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360
GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTTCCT 420
TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACTAAT AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480
AGAACTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGTTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAGAA 540
GGAAGTGGAA AAGAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAAACC AAGAACAAGT TCTCCCAGGC 600
GAAGTGTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660
CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720
GGAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCTT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780
ATCCTCCCAG GCCTGGGTGC CTAATCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840
GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCCGAAC CAACACCTTC 900
CTCGAGGCCC CCTAGTTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCCAAG GGTAGATCGG 960
ACCGTTCATG CTGCCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAA AAACCTCCTT GCCTGCATCC1020
TGTGTACAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080
GCCCCAATCG TGTTTGGTTC CTCTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAC CTGTCCCGCT1140
GCCACTTTC TCACTGATAT TGGGAGGAGG GCAAGGCCA GCCGAAGTTC CACTAAAAAT1200
GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAAGGGTT TGGGTTTTAT TGCTTTCTGT1260
TTTTTCTTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTTAAA1320
CATTCTATTG TAAATGAATG TGTGTGTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGGAA1380
GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCTGGA ACTAACCAGT CCTTGATGTT1440
GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGGG TGTCACCTCA CACTCGGCAT1500
GCATTGTGAA AGCTTTCCAT ACCCTTGGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTCT CCAACCCCAT1560
TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAGAACG CTTCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620
AAATTATTTT ATGTTTGTGT TTGAAATAAA GGATTTAGTT TAAGATTCTA AATTTTAGAG1680
AAACAAACGT AGGCCTTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740
ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800
CTTGACATAT GTGACCATTC TATTGAGGCC CTCTCTGTT TAATGCATAT TATACTGTG1860
CTTTTAACTG TGGAATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTTGCT1920
GCCTCTGCTG CTCTTTTTCC TTTTCCAAAC AGCAAACCTCT GAGGCCATGA GCAGCCAAAA1980
ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040
GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTTGACAA2100
CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTCC GCTATTCCC 2159

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

```
TCACCCGCCT TAGAAAATTC AAAGAAAGAT GGGGAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG 60
ACATTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120
CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTTT 180
GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240
GAGAAAGAAC GGCGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGT TAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300
AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360
AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGAATATGAT 420
AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480
TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540
ATTCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAAGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600
GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660
AACATAAAAA TGAAAGTAAA GAAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720
GAACCTGACG TGTTGAAAAA TCAAAAAAAC GGGAACATAG TCCCAGCAAA GAAAAATCTA 780
GAAAGCGTAG TAGAAGCAAA GAACGTTCCC ACAAACGAGA TCACAGTGAT AGTAAGGACC 840
AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900
AGCATAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960
CCTATAAATG ATTAAATCTG CTTTTTCCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTTCGCACT1020
CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTTCTCTTT TCGTGTAGGG AAGTGCCTTT1080
GTAATTCCAT TTATTGCATT GGTGTTTTCA CCCAATTGTT AAGTTTGATA CATGATGCAC1140
AGATTGTTCT TGCATTTTTA TTGTTTGTGT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200
AAAATGTTTT AATTCCTTTG GCATGGTTGC CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260
ACTGCCACTA ATCTATTTTT GTTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAGTTA1320
GCATGGCTGT GCTTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380
ATTATAGGAG AAGTATGTGC TGCCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440
TTGTCTACTG TATATTATCT TGGAAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500
CAGTTACCTT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560
TGATTTTCACT AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCTAAAA1620
TTTATTCACT TAGTTTTCTT TTTTATTTG AAAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTTC1680
TTGAATTCTT TCTCAGATTT TAAAGTACTA TATTAAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740
TAGCATTCTT GCAGAACCCT ATACTAACAT GTAATGGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800
GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTTA TAAATGGAAA ATCCTTAAAT1860
TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCCTTTTT TTAATTTTCA GAACTTTTTT TATTGATAAT1920
GGAGATTGCT GTTTGAGTTT TTAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980
TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTA2040
TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG2100
GTCTTGCTT TTCCCCCATT TGTTAAATTT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160
GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCCAG ATGACAAGTG2220
AATTTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280
ATACTTGATA ATGGCAGTTC CCTTTGTCAG TGGTTGTTAC ATGTGTCATT TGATTACTTT2340
GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400
TAAATTTGG ACTTGAAATT CTTTAAGATA ATTCACCCAA TTCTTTTGTAG AAAAGAAAAT2460
AGAGGCCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAAACT CAGTATTCTG ACAGTGTAGT2520
GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTGTTTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC2580
GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640
```

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTTTA GAAAAATCTC ATTAAATGAA2700
TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTTTCTTT TTTAAGAAAA TTCCTTTGTC TTTTAAATTG2760
AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1711 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA	ACGCTGGAGC	ATCCCGCTCT	GGTGCCGCTG	CAGCCGGCAG	AGATGGTTGA	60
GCTCATGTTT	CCGCTGTTGC	TCCTCCTTCT	GCCCTTCCTT	CTGTATATGG	CTGCGCCCCA	120
AATCAGGAAA	ATGCTGTCCA	GTGGGGTGTG	TACATCAACT	GTTTCACTTC	CTGGGAAAGT	180
AGTTGTGGTC	ACAGGAGCTA	ATACAGGTAT	CGGGAAGGAG	ACAGCCAAAG	AGCTGGCTCA	240
GAGAGGAGCT	CGAGTATATT	TAGCTTGCCG	GGATGTGGAA	AAGGGGGAAT	TGGTGGCCAA	300
AGAGATCCAG	ACCACGACAG	GGAAACCAGCA	GGTGTGGGTG	CGGAAACTGG	ACCTGTCTGA	360
TACTAAGTCT	ATTCGAGCTT	TTGCTAAGGG	CTTCTTAGCT	GAGGAAAAGC	ACCTCCACGT	420
TTTGATCAAC	AATGCAGGAG	TGATGATGTG	TCCGTACTCG	AAGACAGCAG	ATGGCTTTGA	480
GATGCACATA	GGAGTCAACC	ACTTGGGTCA	CTTCCTCCTA	ACCCATCTGC	TGCTAGAGAA	540
ACTAAAGGAA	TCAGCCCCAT	CAAGGATAGT	AAATGTGTCT	TCCCTCGCAC	ATCACCTGGG	600
AAGGATCCAC	TTCCATAACC	TGCAGGGCGA	GAAATTCTAC	AATGCAGGCC	TGGCCTACTG	660
TCACAGCAAG	CTAGCCAACA	TCCTCTTCAC	CCAGGAACTG	GCCCGGAGAC	TAAAAGGCTC	720
TGGCGTTACG	ACGTATTCTG	TACACCCTGG	CACAGTCCAA	TCTGAACTGG	TTCGGCACTC	780
ATCTTTTCATG	AGATGGATGT	GGTGGCTTTT	CTCCTTTTTC	ATCAAGACTC	CTCAGCAGGG	840
AGCCAGAGCC	AGCCTGCACT	GTGCCTTAAC	AGAAGGTCTT	GAGATTCTAA	GTGGGAATCA	900
TTTCAGTGAC	TGTCATGTGG	CATGGGTCTC	TGCCCAAGCT	CGTAATGAGA	CTATAGCAAG	960
GCGGCTGTGG	GACGTCAGTT	GTGACCTGCT	GGGCTCCCA	ATAGACTAAC	AGGCAGTGCC	1020
AGTTGGACCC	AAGAGAAGAC	TGCAGCAGAC	TACACAGTAC	TTCTTGTCAC	AATGATTCTC	1080
CTTCAAGGTT	TTCAAAACCT	TTAGCACAAA	GAGAGCAAAA	CCTCCAGGCC	TGCTGCTT	1140
GGTGTCCAGT	TAAAACTCAG	TGTACTGCCA	GATTCGTCTA	AATGTCTGTC	ATGTCCAGAT	1200
TTACTTTGCT	TCTGTTACTG	CCAGAGTTAC	TAGAGATATC	ATAATAGGAT	AAGAAGACCC	1260
TCATATGACC	TGCACAGCTC	ATTTTCCTTC	TGAAAGAAAC	TACTACCTAG	GAGAATCTAA	1320
GCTATAGCAG	GGATGATTTA	TGCAAATTTG	AACTAGCTTC	TTTGTTTACA	ATTCAGTTCC	1380
TCCCAACCAA	CCAGTCTTCA	CTTCAAGAGG	GCCACACTGC	AACCTCAGCT	TAACATGAAT	1440

AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA1500
GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC1560
TTTGTGTGTC TTCCTGTTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATTT TTCACAAAGT TTCAAAACAG1620
GCCACAATTA ATTCAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAGTGGC CATTCCAGTC TTTTGGCAA1680
TGGAAATGGG TGGGCGAAGG GGGTGTCGGT T 1711

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLPD RXLQMLXSPC 60
SPAXXGPAPP AGRXFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120
XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNHGGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180
XSVVXCCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240
SSPENFPEXL RLVPTAFPAW GHPXPVXPGC H 271

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG 60
XACXAAXPRX KXRPAGGAGP KXAGLHGEXS ICRXLGRXL XXARXQRXSE XXLGPXPGX 120
GXRXPVSXXT XXLLAXGIXR GQXPXQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180

WV

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

PVGXPXRSPT	SRTRSWRRSG	RSXXAXSKPK	SXKHXPLPEX	XLEIAHEKLR	HAESVGRXAX	60
RVEPXSRXXS	XALLEGXDXR	XLGYTVXEAS	AGXCPAGXSX	ELGXNEXLXG	XWGXPSPAXE	120
XGXXAXXGPX	GSWPVAFXVD	SPAVRVAGAG	TGCRGRKDXF	LVTCSRCRRD	TXAWWW	176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

IPEDPHIDES	KAKHQAIIMS	TSLRVSPSIH	GYHFDASRK	KAVGNIFENT	DQESLERLFR	60
NSGDKKAEER	AKIIFAIDQD	VEEKTRALMA	LKKRTKDKLF	QFLKLRKYSI	KVH	113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```
QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPSLQERID ADRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP 100
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```
GSSKMLHLL E SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDFGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG 60
TRFLHILIIY GKNDLGSLLC FLVSRVSEEP F 91
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

SLALDQMOAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLIEVSQK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVVTPTRG SLFPLDLLS FFVEEASMG 60
QFSKTAAGE AAAERPGEEA VASSPSKANG QENGHVKVNG DASPAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAAPS SAEKGEPAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEEA 300
VAPEKPPASD ETKAAEPPSK VEEKKAEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEPPAA 360
AAASSACAAP SQEAQPECSP EAPPAAEAE 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNCTR 60
PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPGKPR LKVETKVSVE LHREEQGS HR 120
GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTYPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180
TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

SFITA FRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLSTVTA 120
LLLA VQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPI 180
FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDP CSSWA 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 344 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPRPGDQEP PALRCGREAL AGAE EKLGGV 60
PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEMSSS SPPAGAASAA 120
ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAELH PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180
LQOCCILFDF MDSVSDLKSK EIKRATLNEL VEYVSTNRGV IVESAYS DIV KMISANIFRT 240

LPPSDNPDPD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKFVQQLLE 300
LFDSEDPRE R DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGS GCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60
LAAPAGGDDD DISAALTGSGGCC LQGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRPCAP APRPSGPGTP 120
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVD SGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRGA STPRLSPASS CRLRRCPCLA SSSRSCQASG 60
PRRCRRRRRR RGLPAPPSRP RRKWTASPGN RSARRRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120
SSKMPLQMNN KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
GVIILDDIHE RSIATDVLLG LLKDVLLARP ELKLIINSSP HLISKLNSYY GNPVIEVKN 60
KHPVEVVYLS EAQKDSFESI LRLIFEIHHS GEKGDIVVFL ACEQDIEKVC ETVYQGSNLN 120
PDLGELVVVP LYPKEKCSLF KPLDETEKRC QVYQRRVLT TSSGEFLIWS NSVRFVIDVG 180
VERRKVYNPR IRANSLVMQP ISQSQAIRK QILGSSSSGK FFCLYTEEFA SKDMTLPKPA 240
EMQEANLTSM VLFMKRIDIA GLGHCDFMNR PAPESLMQAL EDLDYLAALD NDGNLSEFGI 300
IMSEFPLDPQ LSKSILASCE FDCVDEVLT I AAMVTAPNCF SHVPHGAEEA ALTWCWKTFLH 360
PEGDHFTLIS IYKAYQDTTL NSSSEYCEVEK WCRDYFLNCS ALRMADVIRA ELLEIIKRIE 420
LPYAEPAFGS KENTLNIKKA LLSGYFMQIA RDVDGSGNYL MLTHKQVAQL HPLSGYSITK 480
KMPEWVLFHK FSISENNYIR ITSEISPELF MQLVPQYYFS NLPPSESKDI LQQVVDHLSP 540
VSTMNKEQQM CETCPETEQR CTLQ 564
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

```
KLNVHLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWKE HSLQEASAH SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60
SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKS L SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP 120
RMRTMAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI 180
QKMHSVN 187
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

```
KEKENIQTLT KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT 60
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY 120
AVQGQMDADV QKVLKQILTM CKNQSQKK                                     148
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
MISRRTVSTN LFFNF EAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKVNSNT LATSLMALIL 60
LRERDRILDS PKYLTESRAC SDRHVPQGC LASVGAWLCW MIC                      103
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
AAALALRIAA AMASQSGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
LTAARRERAA RAGGGGAELG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLT TAWSLSCGQP RTEALRHGAR 60
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHHHRRLC 120
HGHRLRGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180
YGTQGNVGLT NAWSIQTDF RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVKADT YCA 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEOKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQVL PGEVLAGAVK HKSSSEGSNSV KRLKPDPEPD 60
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120
KIVSSIFRTN TFLEAP 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

WCLRCLSWTR SRCSQSRHPG LGGCRYILQQ RGSGWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG 60
PVSVFSHCCH SLSSYASQLL PTLRLGELVL GFYRLHSQFL FHLLVLLRN SNLLEVISVF 120
LQFFQFFFSS LLFY 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
LPLRLRLFD F SLLSFLCLLD FSLLLLLLRF PAFLLRLLLL CFLSLLLLLL CFFSFLESLL 60
SSLCRLSSL SLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120
YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAVLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMFPPTS AAPAF 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

TRKERSKEQR	SRGEVEEKKH	KEDKDDRRHR	DDKRDSKKEK	KHSRERSRER	KHSRERSRNR	60
AGKRSRERSK	EKSSKHKNES	KEKSNKRSRS	GSQGRDTSVE	KSKKREHSPS	KEKSRKRSRS	120
KERSHKRDHS	DSKDQSDKHD	RRRSQSIEQE	SQEKQHKNKD	ETV		163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 335 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

RRATLEHPAL	VPLQPAEMVE	LMFPLLLLLL	PFLLYMAAPQ	IRKMLSSGVC	TSTVQLPGKV	60
VVVTGANTGI	GKETAKELAQ	RGARVYLACR	DVEKGELVAK	EIQTTTGNQQ	VLVRKLDLSD	120
TKSIRAFAGK	FLAEKHLHV	LINNAGVMC	PYSKTADGFE	MHIGVNLGH	FLLTHLLEK	180
LKESAPSRIV	NVSSLAHHLG	RIHFHNLQGE	KFYNAGLAYC	HSKLANILFT	QELARRLKGS	240
GVTTSYVHPG	TVQSELVRHS	SFMRWMMWLF	SFFIKTPQQG	AQTSLHCALT	EGLEILSGNH	300
FSDCHVAWVS	AQARNETIAR	RLWDVSCDLL	GLPID			335

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggt tgtcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcatcgtcg ggaccagact cgtctcaggc cagttgcagc cttctcagcc aaacgccgac 180
caaggaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgct tttgcctcct aggcaccacc 240
tgtgccatac cagttaaaca ggctgattct ggaagtcttg aggaaaagca gctttacaac 300
aaatacccgag atgctgtggc cacatggcta aaccctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaatgctgt gtccctctgaa gaaaccaatg actttaaaca agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tggatgatga agatgatgac 480
gaccatgtgg acagccagga ctccattgac tcgaacgact ctgatgatgt agatgacact 540
gatgattctc accagtctga tgagtctcac cattctgatg aatctgatga actggctact 600
gattttccca cggacctgcc agcaaccgaa gttttcactc cagttgtccc cacagtagac 660
acatatgatg gccgagggtga tagtgtggtt tatggactga ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcagacctg acatccagta ccctgatgct acagacgagg acatcacctc acacatggaa 780
agcgaggagt tgaatggtgc atacaaggcc atccccgttg cccaggacct gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgttg gaaggacagt tatataagc gtcagctgga tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagccacaa gcagtccaga ttatataagc ggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgatgtgat tgatagtcag gaactttcca aagtcagccg tgaattccac1020
agccatgaat ttcacagcca tgaagatatg ctggttgtag accccaaaag taaggaagaa1080
gataaacacc tgaaatttcg tatttctcat gaattagata gtgcatcttc tgaggtcaat1140
taaaaggaga aaaaatacaa tttctcactt tgcatttagt caaaagaaaa aatgctttat1200
agcaaatga aagagaacat gaaatgcttc tttctcagtt tattggttga atgtgtatct1260
atttgagtct ggaaataact aatgtgtttg ataattagtt tagtttggtg cttcatggaa1320
actccctgta aactaaaagc ttcagggtta tgtctatggt cattctatag aagaaatgca1380
aactatcact gtattttaat atttgttatt ctctcatgaa tagaaattta tgtagaagca1440
aacaataac ttttaccac ttaaaaagag aatataacat tttatgtcac tataatcttt1500
tgttttttaa gttagtgtat atttgttgtt gattatcttt ttgtggtgtg aataaatctt1560
ttatcttgaa tgtaataaga atttggtggt gtcaattgct tatttgtttt cccacggttg1620
tccagcaatt aataaaacat aacctttttt actgcctaaa aaaaaaaaaga gaaaagaaa1680
aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag

```

1712

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202 :

```

caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgcccc ctccgccttg ccactcacta 60
gcatcttggg ggggtggccg ctgagtggca ggggacagga gtccactttg tttcgtgggg 120
aggtctaata tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagtctt ttgttcatag 180
cccagtagac cttgttactt ctgaggttaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240
ttgcttccct aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttttt 300
tttaaaactag gagaaccaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagtttgt gtgttgctctc 360
ttgagtttgt cgctcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctgggtg gcccggttctc 420
tggtgggtctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgccgtg gggccgccgc ctctttcaag 480
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgctcagggc catgctgagg cctgggccgc tgccacgttg 540
gagaagcccg tgtgagaagt gaatgctggg actcagcctt cagacagaga ggactgtagg 600
gagggcgcca ggggcctgga gatectcctg cagaccacgc ccgtcctgcc tgtggcgccg 660
tctccagggg ctgcttcttc ctggaaattg acgaggggtg tcttgggcag agctggctct 720
gagcgccctc atccaaggcc aggttctccg ttagctcctg tggccccacc ctgggccctg 780
ggctggaatc aggaatatct tccaaagagt gatagtcttt tgcttttggc aaaactctac 840
ttaatccaat gggtttttcc ctgtacagta gattttccaa atgtaataaa ctttaatatata 900
aagtagtcct gtgaatgcca ctgccttcgc ttcttgccctc tgtgctgtgt gtgacgtgac 960
cggacttttc tgcaaacacc aacatgttgg gaaacttggc tcgaatctct gtgccttcgt1020
ctttcccatg gggagggatt ctggttccag ggtccctctg tgtatttgct tttttgtttt1080
ggctgaaatt ctcttgagg tcggtagggt cagccaaggt tttataaggc tgatgtcaat1140
ttctgtgttg ccaagctcca agccccatct tctaaatggc aaaggaaggt ggatggcccc1200
agcacagctt gacctgaggc tgtggtcaca gcggagggtg ggagccgagg cctacccccgc1260
agacaccttg gacatcctcc tcccaccggg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccagg1320
ctcctgcact tacttgctta tttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagag1380
gtgggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggaacctgt gtccggtatt1440
cgatactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgctggtcc gtgggacggg gcccaaacca gaggctgggt1560
tcatttgtgt aacgacaata aacggtactt gtcatttcgg gcaaaaaaaa 1610

```

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

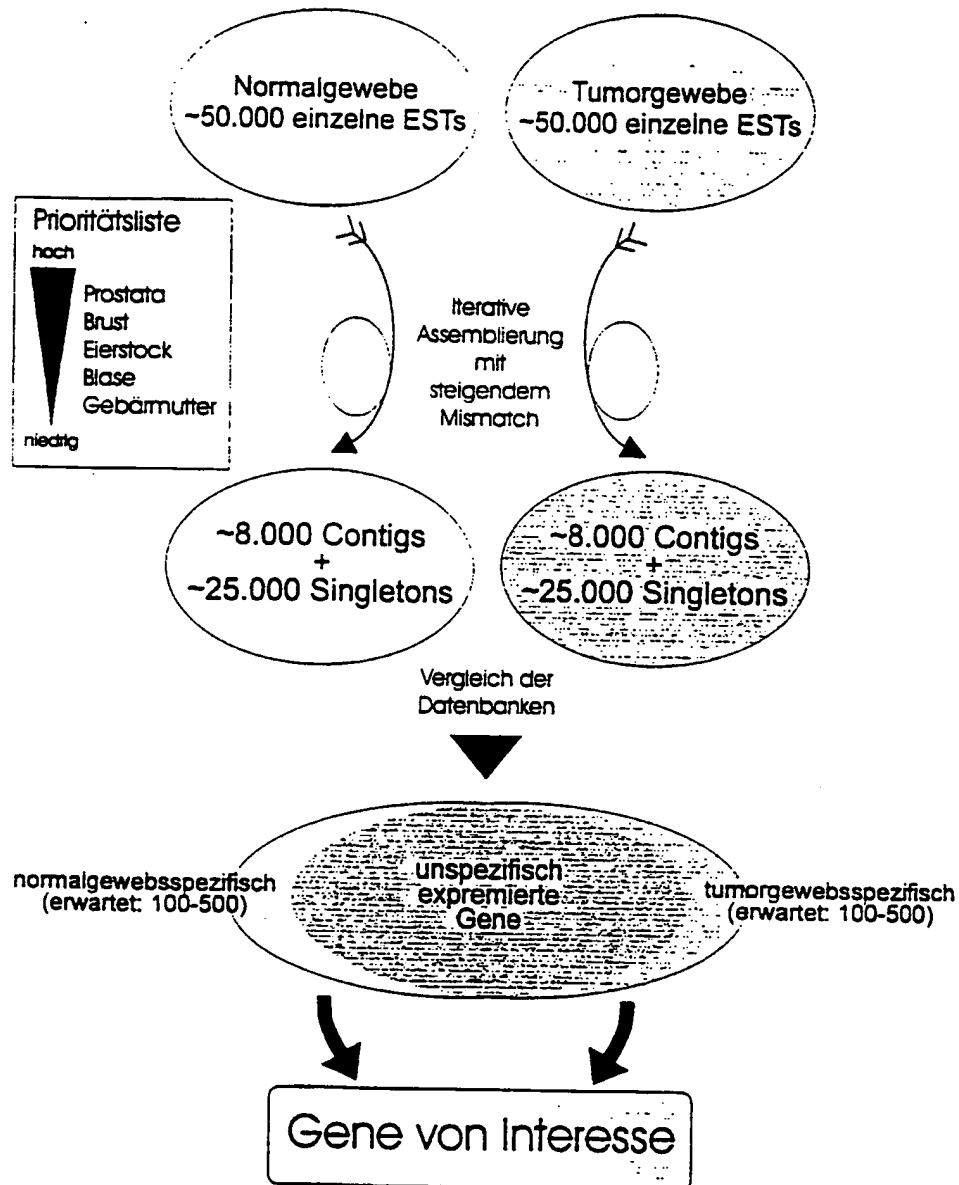


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

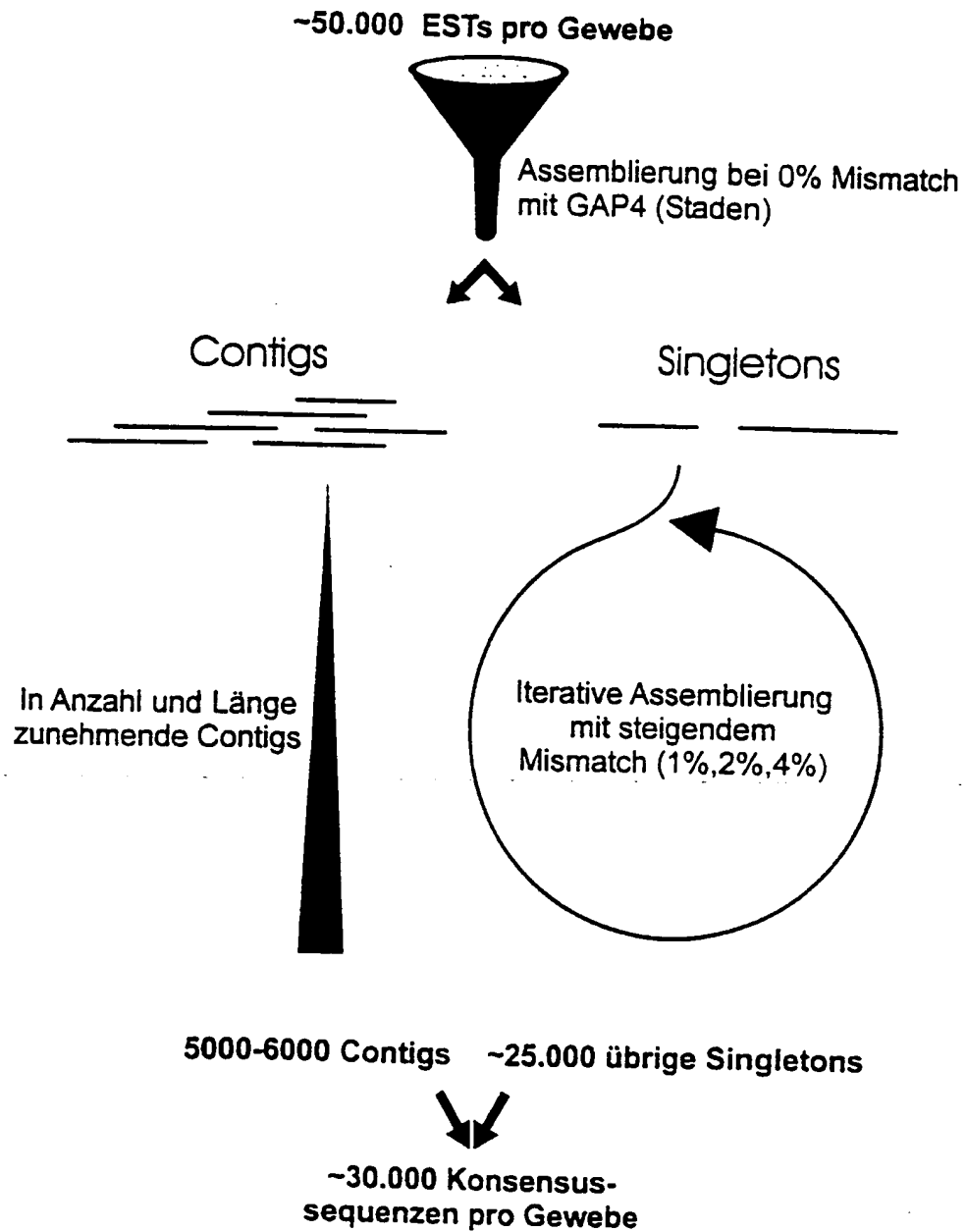


Fig. 2a

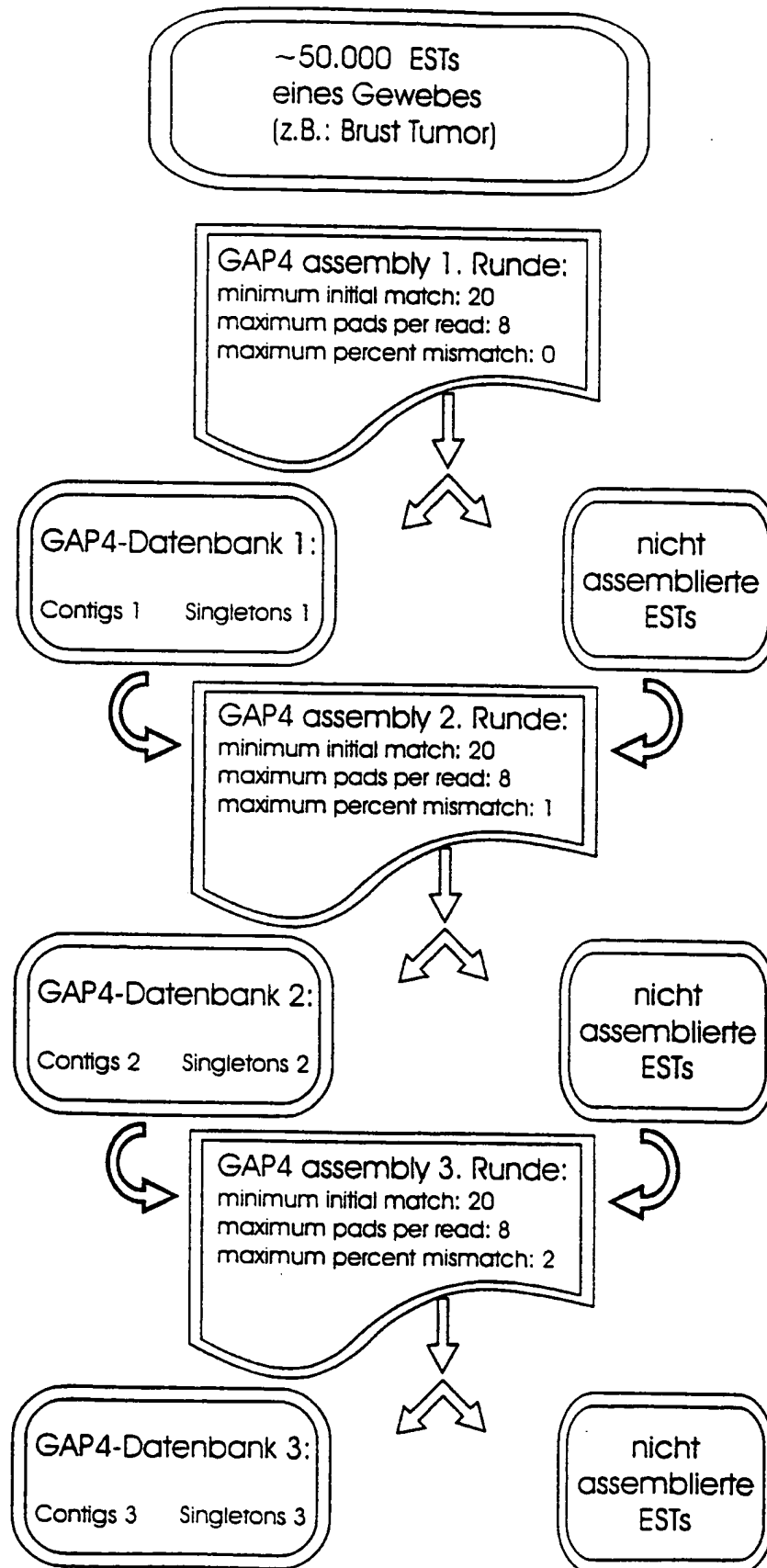


Fig. 2b1

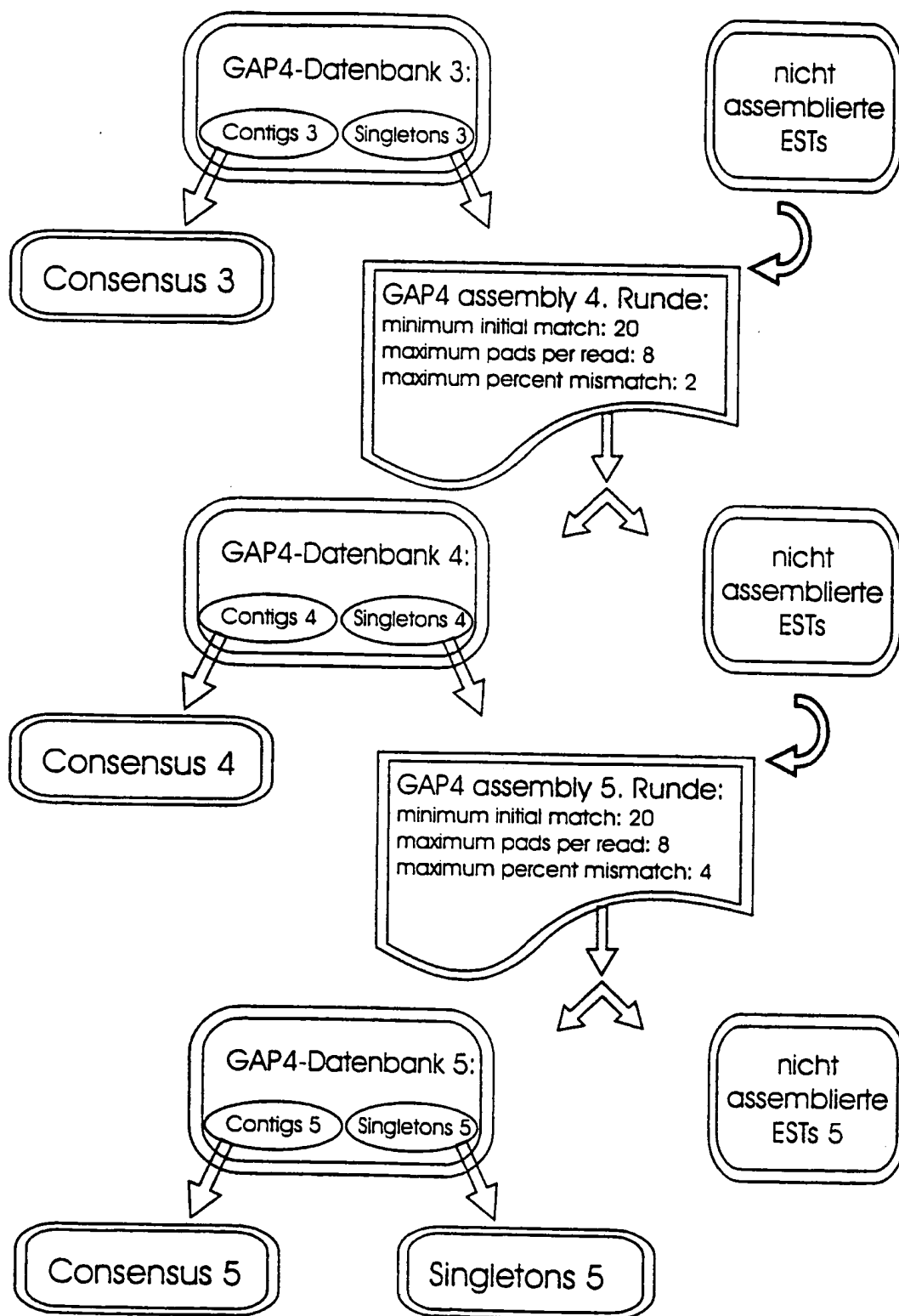


Fig. 2b2

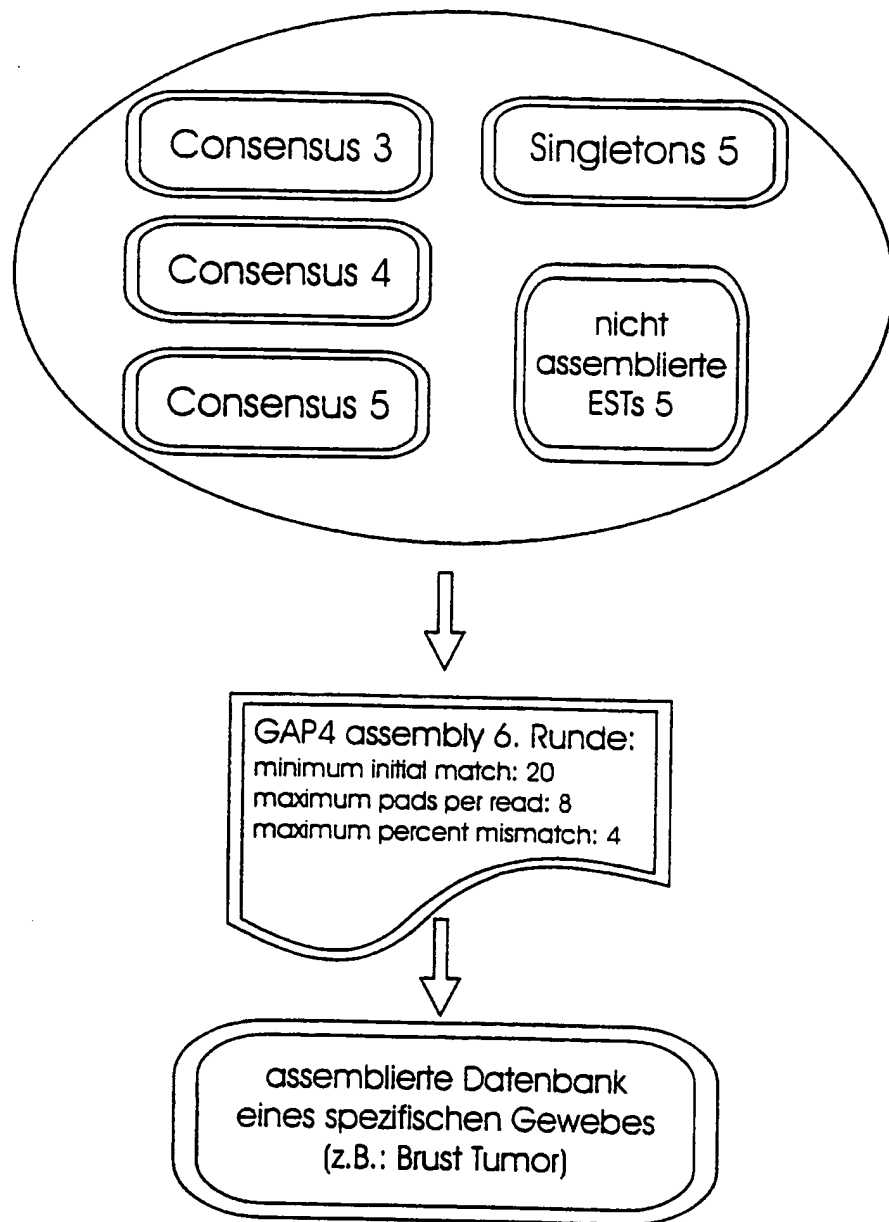


Fig. 2b3

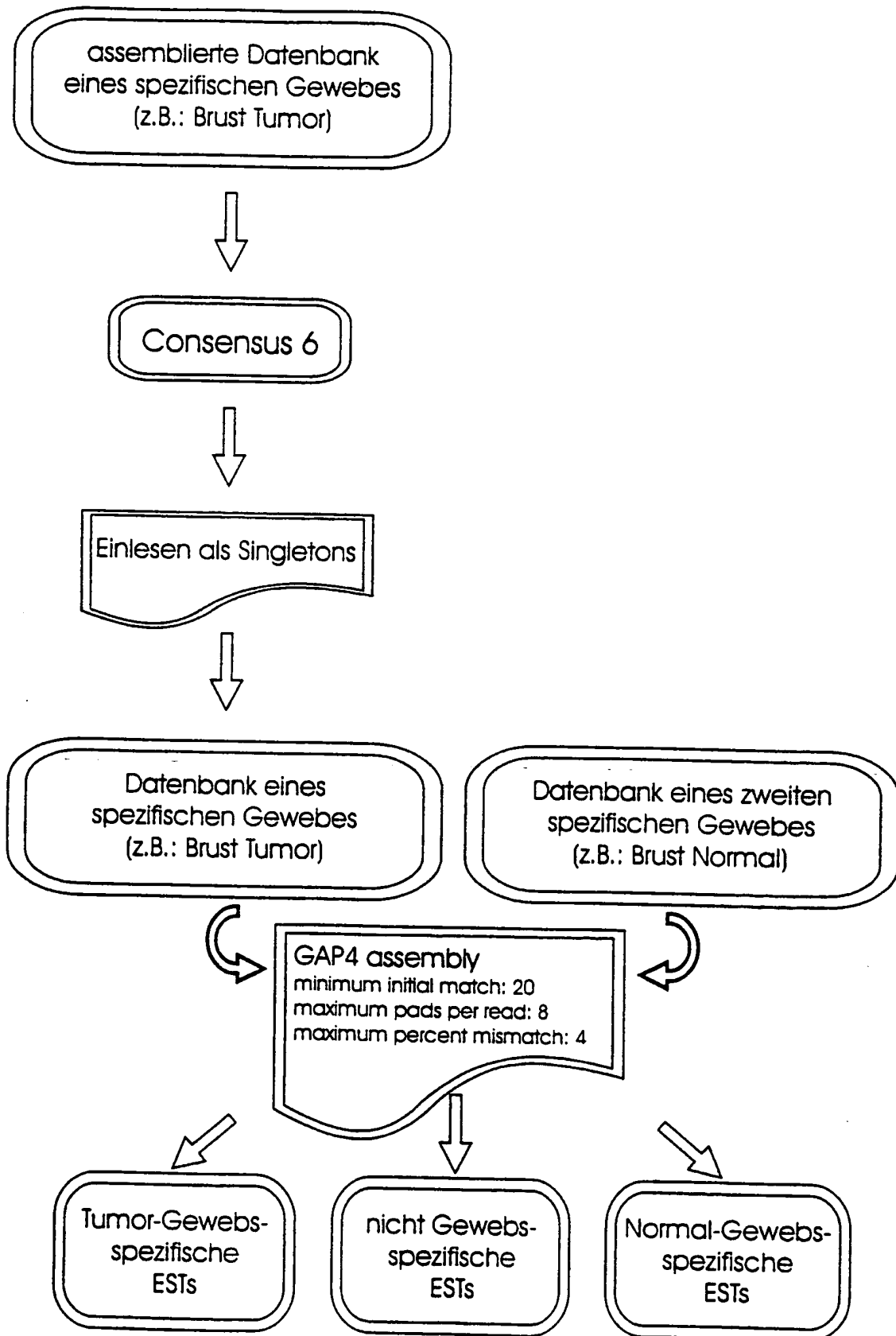


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

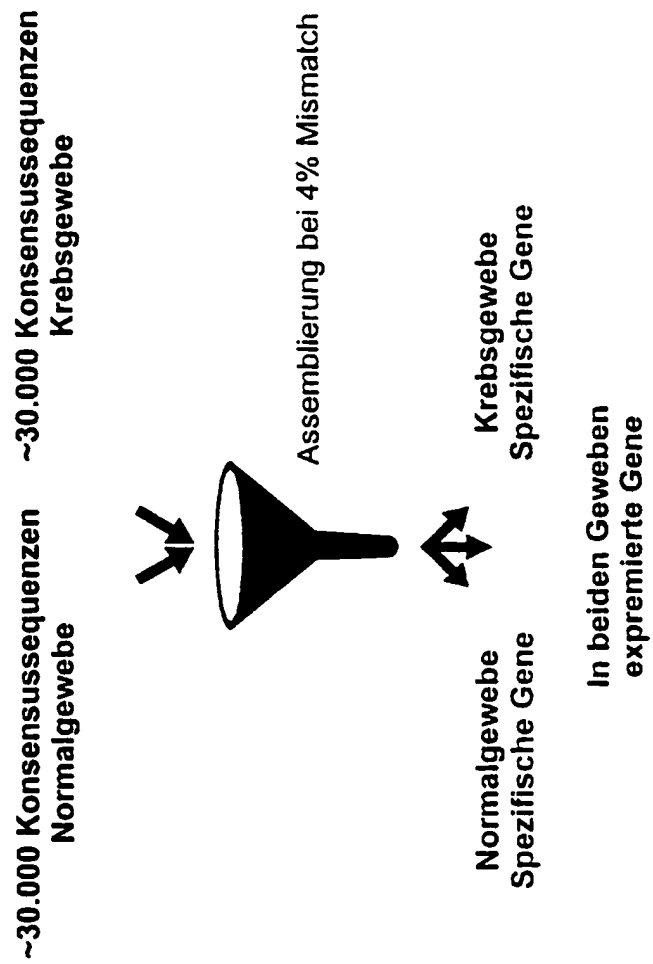


Fig. 3

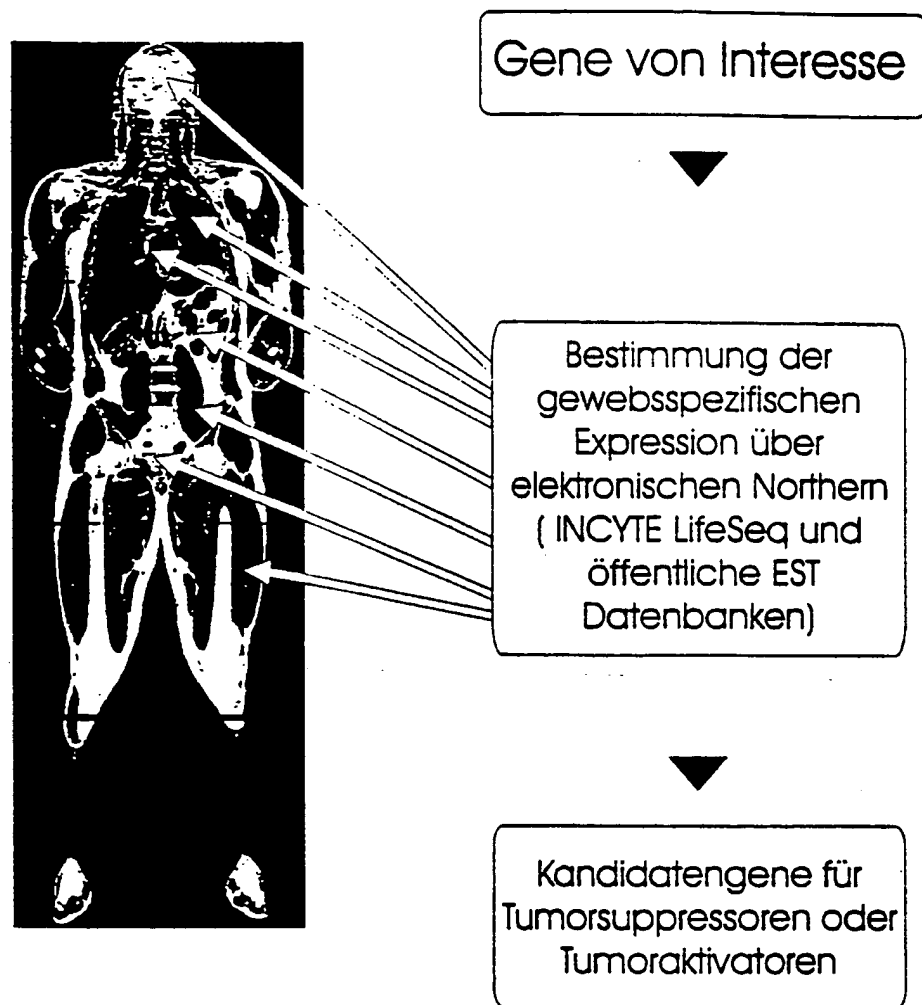


Fig. 4a

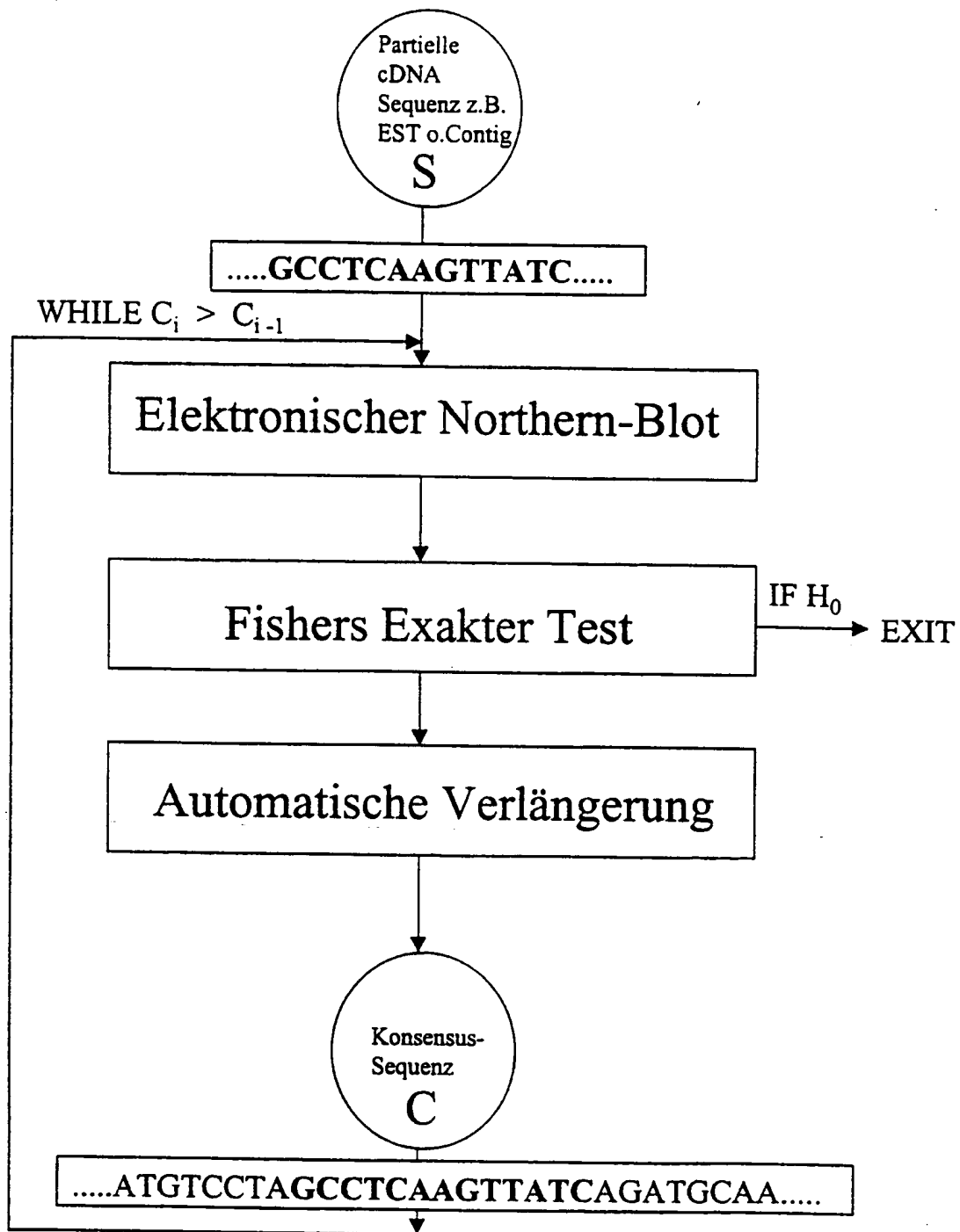


Fig. 4b

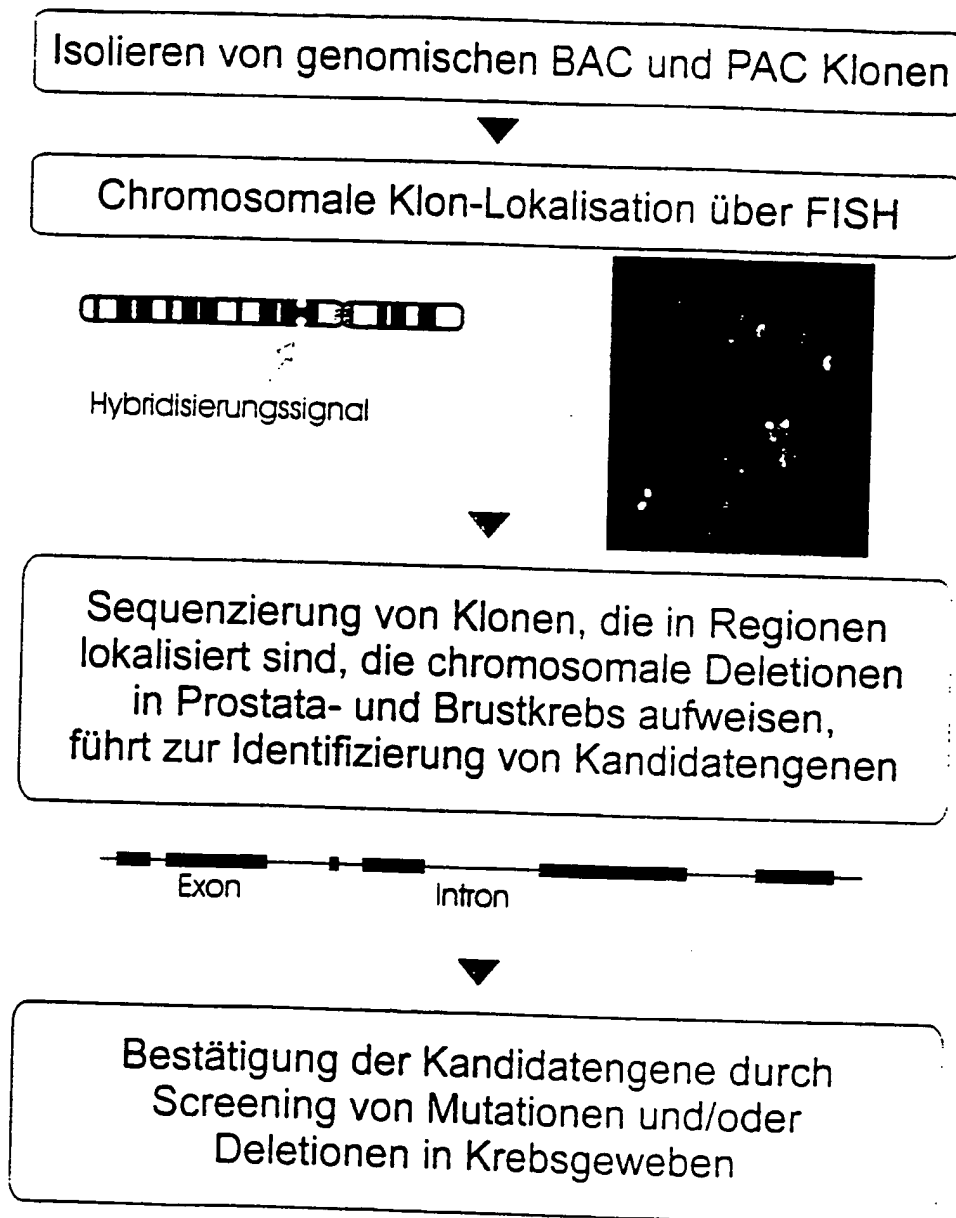


Fig. 5